

**ZÜRCHER HOCHSCHULE FÜR ANGEWANDTE WISSENSCHAFTEN
DEPARTEMENT LIFE SCIENCES UND FACILITY MANAGEMENT
INSTITUT FÜR UMWELT UND NATÜRLICHE RESSOURCEN**

**DIE HEUSCHRECKENFAUNA VON EXTENSIV GENUTZTEN WIESEN UND EXTENSIV
GENUTZTEN WEIDEN**

Bachelorarbeit

von

Röthlisberger André

Bachelorstudiengang UI17

Abgabedatum: 14.01.2021

Studienrichtung Umweltingenieurwesen

Fachkorrektoren:

Schlegel Jürg

ZHAW Life Sciences und Facility Management

Institut für Umwelt und Natürliche Ressourcen

Schloss

8820 Wädenswil

Riesen Matthias

ZHAW Life Sciences und Facility Management

Institut für Umwelt und Natürliche Ressourcen

Schloss

8820 Wädenswil

Impressum

Schlagworte: Biodiversitätsförderflächen (BFF), ecological compensation area (ECA), Insekten, insects, Orthoptera, Heuschrecken, grasshoppers, Wiesen, meadow, Weiden, pasture

Zitiervorschlag: Röthlisberger, A. (2021): Die Heuschreckenfauna von extensiv genutzten Wiesen und extensiv genutzten Weiden. Bachelorarbeit. Zürcher Hochschule für Angewandte Wissenschaften ZHAW, Wädenswil.

Institut: Institut für Umwelt und Natürliche Ressourcen

Abstract

Extensively managed meadows and pastures are one of the most species-rich habitats in Switzerland. However, habitat loss and degradation led to a drastic decline of these habitats. The introduction of the agri-environmental scheme in 1993 was designed to mitigate this loss at the agricultural level. Thus, farms that want to receive direct payments must manage seven percent of their agricultural land as ecological compensation area (ECA). A differentiation in two quality levels is made between different types of ECA. Quality level 1 represents the ecologically lower level and quality level 2 the ecologically more valuable level. This classification is based exclusively on management requirements and floristic species diversity. Whether this classification is also beneficial for the fauna has rarely been investigated. Therefore, the present study treats the influence of the ECA extensively managed meadows and extensively managed pastures and their quality levels on the grasshopper fauna. In addition, it was determined which habitat parameters show important influences on grasshopper diversity. For this survey, 32 ECA in the canton of Aargau were investigated for their grasshopper diversity. The results showed that the grasshopper community of the four ECA types studied barely differed from each other. Furthermore, no significant differences in grasshopper diversity were found between the ECA extensively managed meadows and extensively managed pastures. However, ECA with quality level 2 showed significantly higher grasshopper diversity than ECA with quality level 1. Furthermore, the importance of a sufficient proportion of uncut grass refuge and a satisfactory vegetation cover can be shown. On one hand, these results are important to legitimate the floristic classification of the quality levels. On the other hand, two demands can be made with the present results. More ECA with quality level 2 should be created and an obligatory uncut grass refuge should be introduced in all meadow-like ECA, as these characteristics promote especially threatened grasshopper species.

Zusammenfassung

Extensiv genutzte Wiesen und Weiden zählen zu den artenreichsten Lebensräumen in der Schweiz. Doch Lebensraumverlust und Verschlechterung der Lebensraumqualität führten zu einem drastischen Rückgang dieser Lebensräume. Mit der Einführung des Direktzahlungssystems im Jahr 1993 soll dem Verlust auf landwirtschaftlicher Ebene gegengesteuert werden. So müssen landwirtschaftlich Betriebe, die Direktzahlungen erhalten wollen, sieben Prozent der Landwirtschaftlichen Nutzfläche als Biodiversitätsförderflächen (BFF) bewirtschaften. Dabei wird zwischen verschiedenen Typen von BFF unterschieden, die in zwei Qualitätsstufen eingeteilt werden. So stellt die Qualitätsstufe 1 die ökologisch niedrigere Stufe und die Qualitätsstufe 2 die ökologisch wertvollere Stufe dar. Diese Einteilung erfolgt ausschliesslich aufgrund von Bewirtschaftungsauflagen und der floristischen Artenvielfalt. Ob diese Einteilung auch für die Fauna einen Nutzen bringt, wurde bisher kaum untersucht. Deshalb behandelt die vorliegende Arbeit den Einfluss der BFF extensiv genutzte Wiesen und extensiv genutzte Weiden und deren Qualitätsstufen auf die Heuschreckenfauna. Zudem wurde ermittelt, welche Habitatparameter wichtige Einflüsse auf die Heuschreckenvielfalt zeigen. Dazu wurden im Kanton Aargau 32 BFF auf deren Heuschreckenvielfalt untersucht. Die Resultate zeigten, dass sich die Heuschreckengemeinschaften der vier untersuchten BFF-Typen kaum unterscheiden. Ausserdem wurden zwischen den BFF extensiv genutzte Wiesen und extensiv genutzte Weiden keine signifikanten Unterschiede in der Heuschreckenvielfalt festgestellt. Jedoch zeigten BFF mit Qualitätsstufe 2 eine signifikant höhere Heuschreckenvielfalt als BFF mit Qualitätsstufe 1. Zudem kann die Wichtigkeit eines genügenden Altgrasanteils und einer befriedigenden Vegetationsbedeckung aufgezeigt werden. Diese Resultate sind einerseits bedeutsam, um die floristische Einteilung der Qualitätsstufen zu rechtfertigen. Andererseits können mit den vorliegenden Resultaten zwei Forderungen gestellt werden. So sollten vermehrt BFF mit Qualitätsstufe 2 geschaffen und ein obligatorischer Altgrasstreifen in allen wiesenähnlichen BFF eingeführt werden, da diese Eigenschaften insbesondere gefährdete Heuschreckenarten fördern.

Dank

Gerne bedanke ich mich bei allen Menschen, die mich bei der Umsetzung meiner Bachelorarbeit unterstützten. Für die Hilfe bei der methodischen Ausarbeitung möchte ich mich bei Yannic Schrepfer bedanken. Dem Kanton Aargau danke ich für die Bereitstellung der aktuellen Geodaten. Bei allen landwirtschaftlichen Betrieben bedanke ich mich für die Erlaubnis zum Betreten der Untersuchungsflächen. Einen besonderen Dank geht an die Korrektoren Jürg Schlegel und Matthias Riesen. Jürg Schlegel möchte ich zudem für die Betreuung der Arbeit und die Durchführung der Redundanzanalyse sowie deren grafischen Darstellung danken. Besonders bedanken möchte ich mich zusätzlich bei Julia Besimo und Michèle Röthlisberger für das Korrekturlesen. Als letztes bedanke ich mich bei Julia Besimo und meiner Familie für deren stetige Unterstützung im Alltag.

Inhalt

Abstract	3
Zusammenfassung	4
Dank	5
1 Einleitung	7
2 Material und Methoden	11
2.1 Untersuchungsgebiete	11
2.2 Untersuchungsflächen	12
2.3 Heuschreckenkartierung	14
2.4 Statistische Auswertung	15
3 Resultate	18
4 Diskussion	26
5 Literaturverzeichnis	31
Verzeichnis der Abbildungen	37
Verzeichnis der Tabellen	39
Anhang	40

1 Einleitung

Extensiv genutzte Wiesen und Weiden gehören flächen- als auch artenmässig zu den wichtigsten Lebensraumgesellschaften der Schweiz (Guntern et al., 2013). Bezüglich der Pflanzenvielfalt zählen sie sogar zu den artenreichsten Gesellschaften weltweit (Wilson et al., 2012).

Doch Lebensraumverlust und Verschlechterung der Lebensraumqualität durch Intensivierung der Landwirtschaft, Zersiedlung und Nutzungsaufgabe reduzierten diese wertvollen Gesellschaften beträchtlich. So sind in der Schweiz zwischen 1900 und 2010 95 Prozent der Trockenwiesen und -weiden verschwunden (Lachat, 2010). Im selben Ausmass wird der Verlust der Fromentalwiesen beschrieben (Bosshard, 2015). Diese Verluste haben auch Auswirkungen auf die höheren trophischen Stufen wie beispielsweise auf Insekten (Tagfalter und Heuschrecken) und Vögel (Birrer et al., 2011; Monnerat et al., 2007; Wermeille et al., 2014).

Um dem negativen Trend im landwirtschaftlichen Gebiet entgegenzuwirken, werden mit dem im Jahre 1993 eingeführten Direktzahlungssystem Biodiversitätsbeiträge ausgerichtet. Um diese Beiträge zu erhalten, müssen landwirtschaftliche Betriebe als Teil des Ökologischen Leistungsnachweises (ÖLN) sieben Prozent der Landwirtschaftlichen Nutzfläche (LN) als Biodiversitätsförderflächen (BFF) bewirtschaften.

Diese Anstrengungen führen nachweislich zu einer Erhöhung der Biodiversität (Aviron et al., 2009; Birrer et al., 2007; Herzog et al., 2010; Knop et al., 2006; Schlegel & Schnetzler, 2018), genügen aber nicht um den Biodiversitätsverlust zu stoppen (Birrer et al., 2007). Dafür würde es nach Guntern et al. (2013) eine Verdoppelung der aktuellen Fläche benötigen. Meichtry-Stier, Jenny, Zellweger-Fischer & Birrer (2014) schätzen für die Erhaltung bedrohter Vogelarten eine Vervierfachung der Flächen mit hohem ökologischem Wert als notwendig ein. Zudem erweist sich die ökologische Qualität der BFF als unbefriedigend. So gelten gemäss Graf et al. (2020) nur 27 % der BFF (Stand 2015) als naturnahe Lebensräume. Trotzdem konnten mit dem etablierten System bereits einige Erfolge für die Artengruppen der Vögel, Säugetiere und Tagfalter verzeichnet werden (Meichtry-Stier et al., 2014; Zingg et al., 2019).

Damit die Biodiversität flächendeckend einen Nutzen von BFF erfahren kann, ist es essenziell, die flächen- und beitragsmässig wichtigsten BFF-Typen zu optimieren. Dazu zählen die BFF-Typen extensiv genutzte Wiese (29.7 % Flächenanteil bzw. 44.0 % der Biodiversitätsbeiträge) und extensiv genutzte Weide (16.5 % Flächenanteil bzw. 12.5 % der Biodiversitätsbeiträge) (BLW, 2020).

Eine schweizweite Untersuchung von Schmid, Wiedemeier & Stäubli (2001) bestätigt den ökologischen Wert von Wiesen und Weiden und differenziert zwischen den beiden Bewirtschaftungsformen. So zeigt sich auf extensiv genutzten Weiden eine signifikant höhere Artenvielfalt bei Spinnen, Wildbienen, Tagfalter und Heuschrecken verglichen mit extensiv genutzten Wiesen. Grenzen beide Bewirtschaftungsformen aneinander, steigt die Artenzahl weiter, weil es an beide Bewirtschaftungsformen angepasste Arten gibt. Zusätzlich profitieren beispielsweise auf Weiden spezialisierte Wildbienenarten von den angrenzenden Wiesen, da die Wiesen ein höheres Nektar- und Pollenangebot haben, während die Weiden dagegen als ideale Nistgelegenheiten dienen. Dieses Bild bestätigen Wettstein & Schmid (1999). Jedoch zeigen sich bei Heuschrecken nur ansatzmässig mehr Arten in Weiden als in Wiesen, während sich im Gegensatz dazu bei den Tagfaltern eine geringfügig höhere Vielfalt in Wiesen zeigt. Dabei wird auch hier hervorgehoben, dass die Kombination von beiden Bewirtschaftungsformen für gewisse Arten sehr wertvoll ist.

Dies lässt darauf schliessen, dass die Aufteilung der BFF in die Typen extensiv genutzte Wiesen und extensiv genutzte Weiden durchaus berechtigt ist. Die beiden Typen werden auf einer weiteren Ebene zusätzlich in zwei Qualitätsstufen kategorisiert. So stellt die Qualitätsstufe 1 (Q1) die ökologisch niedrigere Stufe und die Qualitätsstufe 2 (Q2) die ökologisch wertvollere Stufe dar. Während bei der Q1 nur Bewirtschaftungskriterien erfüllt werden müssen, werden bei der Q2 zusätzlich auch ökologische Kriterien verlangt. Dazu müssen bei der Q2 die Anforderungen der Q1 zwingend erfüllt werden. Wird die Q2 erreicht, werden die Beiträge der Q1 und Q2 kumulativ ausbezahlt, damit landwirtschaftliche Betriebe einen finanziellen Anreiz für ökologisch hochwertige BFF erhalten. Die kumulierten Beiträge einer BFF mit Q2 ergeben ungefähr dreimal so hohe Beiträge wie die einer BFF mit Q1. Dabei werden bei den extensiv genutzten Wiesen die Beiträge nach Höhenzonen abgestuft, bei extensiv genutzten Weiden werden die Beiträge unabhängig der Höhenstufe ausbezahlt. Die genauen Beiträge (nur Beiträge der Talzone aufgeführt) und Anforderungen für extensiv genutzte Wiesen und extensiv genutzte Weiden werden in der nachstehenden

Tabelle 1 aufgeführt. Zusätzlich zu den Beiträgen für die Qualitätsstufen werden Beiträge für die Vernetzung der BFF ausbezahlt. Beiträge für die Vernetzung werden ausbezahlt, sobald die BFF nach den Vorgaben eines vom Kanton bewilligten regionalen Vernetzungsprojektes angelegt und bewirtschaftet werden.

Tabelle 1: Beiträge und Anforderungen der Biodiversitätsförderflächen extensiv genutzte Wiese und extensiv genutzte Weide mit Qualitätsstufe 1 (Q1) und Qualitätsstufe 2 (Q2) gemäss Direktzahlungsverordnung (Verordnung über die Direktzahlungen an die Landwirtschaft (Direktzahlungsverordnung, DZV), 2013).

	Extensiv genutzte Wiesen	Extensiv genutzte Weiden
	Q1	Q1
Beiträge	1080 CHF/ha (Talzone)	450 CHF/ha
Anrechenbare Fläche	<ul style="list-style-type: none"> • Rückzugstreifen bis zu einem Anteil von 10 % anrechenbar • Unproduktive Kleinstrukturen entlang von Fliessgewässern bis zu einem Anteil von 20 Prozent der Fläche anrechenbar 	<ul style="list-style-type: none"> • Unproduktive Kleinstrukturen bis zu einem Anteil von 20 Prozent der Fläche anrechenbar
Düngung	<ul style="list-style-type: none"> • Keine 	<ul style="list-style-type: none"> • Keine (ausser durch Weidetiere)
Pflanzenschutzmittel	<ul style="list-style-type: none"> • Keine, Einzelstockbehandlung von Problempflanzen erlaubt 	<ul style="list-style-type: none"> • Keine, Einzelstockbehandlung von Problempflanzen erlaubt
Nutzung	<ul style="list-style-type: none"> • Mindestens ein Schnitt ab 15.06 (Tal- und Hügelzone), 01.07 (Bergzone I, II), 15.07 (Bergzone III, IV) • Herbstweide ab 1. September bis 30. November möglich • Mulchen verboten • Schnittgut abführen obligatorisch • Ast- und Streuhaufen erlaubt 	<ul style="list-style-type: none"> • Beweidung mind. 1x jährlich • Keine Zufütterung auf der Weide • Säuberungsschnitte erlaubt • Mulchen und Einsatz von Steinbrechmaschinen verboten
Ausschlusskriterien	-	<ul style="list-style-type: none"> • Breitflächig artenarme Bestände, die auf eine nicht extensive Nutzung hindeuten, werden ausgeschlossen
Verpflichtungsdauer	<ul style="list-style-type: none"> • 8 Jahre am gleichen Standort 	<ul style="list-style-type: none"> • 8 Jahre am gleichen Standort
	Q2	Q2
Beiträge	1920 CHF/ha (Talzone)	700 CHF/ha
Anforderungen	<ul style="list-style-type: none"> • Mähaufbereiter verboten • Beurteilung der biologischen Qualität der Flora mit einer Liste von Zeigerarten: für die erforderliche Mindestqualität muss die Fläche 6 Zeigerarten beherbergen. 	<ul style="list-style-type: none"> • Beurteilung der biologischen Qualität der Flora mit einer Liste von Zeigerarten: für die erforderliche Mindestqualität muss die Fläche 6 Zeigerarten beherbergen.

Wie bereits in Tabelle 1 aufgezeigt, erfolgt die Einteilung der Qualitätsstufen anhand der floristischen Diversität, indem 6 Zeigerarten auf der angemeldeten Fläche vorkommen müssen. Doch, ob diese Einteilung zu einer Erhöhung der faunistischen Biodiversität führt, wurde noch kaum untersucht. Dies obschon sich die Anzahl der BFF extensiv genutzte Wiesen mit Q2 und extensiv genutzte Weiden mit Q2 seit zehn Jahren stetig erhöht (BLW, 2020). Die einzige bekannte Untersuchung ist Teil des Monitoringprogramms «Arten und Lebensräume

Landwirtschaft» (ALL-EMA) für die Artengruppen der Tagfalter, Vögel und Pflanzen (BLW, 2019). Die Ergebnisse legen offen, dass sich die Einteilung in zwei Qualitätsstufen für die ökologische Qualität bewährt. So steigt die Artenzahl generell von ausserhalb der BFF zu BFF mit Q1 und weiter von BFF Q1 zu BFF Q2. Zudem zeigen BFF in Vernetzung einen positiven Einfluss auf die Artenvielfalt. Jedoch ist die Datengrundlage stellenweise lückig, weshalb der Schlussbericht des ersten Erhebungszyklus (2015 bis 2019) mit Vorsicht zu interpretieren ist.

Für die Artengruppe der Heuschrecken wurden generell noch keine Untersuchungen zu Q1 und Q2 durchgeführt. Deshalb behandelt die vorliegende Arbeit den Einfluss der BFF-Typen extensiv genutzte Wiese und extensiv genutzte Weide und deren Qualitätsstufen auf die Heuschreckenfauna. Der Aspekt der Vernetzung wird dabei nicht berücksichtigt. Dazu wird die folgende Fragestellung formuliert: Wie unterscheiden sich extensiv genutzte Wiesen und extensiv genutzte Weiden mit Q1 und Q2 in ihrer Heuschreckenfauna? Zudem wird ermittelt, welche Habitatparameter (Vegetationshöhe, Bodenbeschaffenheiten usw.) wichtige Einflüsse auf die Heuschreckenvielfalt zeigen. Um die Fragestellung zu beantworten, werden im Kanton Aargau 32 Untersuchungsflächen auf deren Heuschreckenvielfalt und Habitatparameter untersucht.

Heuschrecken wurden gewählt, weil sie sich als gute Indikatorgruppe zur Beurteilung der faunistischen Biodiversität in der Agrarlandschaft eignen (Chisté et al., 2016) und besonders auf strukturalistische Merkmale des Habitats angewiesen sind (Baur & Roesti, 2006; Buri et al., 2013; Kruess & Tscharntke, 2002).

Es wird erwartet, dass BFF mit Q2 eine höhere Heuschreckenvielfalt aufweisen als BFF mit Q1. Weiter wird eine höhere Heuschreckenvielfalt in den extensiv genutzten Weiden erwartet als in den extensiv genutzten Wiesen. Aufgrund der Studie von Zingg et al. (2019) wird zudem erwartet, dass die Heuschreckenvielfalt positiv mit dem Anteil an BFF im Untersuchungsgebiet zusammenhängt.

Die gewonnenen Informationen sollen einerseits dazu dienen, den Nutzen der untersuchten BFF-Typen und deren Qualitätsstufen mit Hilfe einer neuen Artengruppe zu evaluieren. Andererseits sollen sie die Relevanz der umgebenden Landnutzung und deren Habitatparameter aufzeigen. (Aufgabenstellung im Anhang 10).

2 Material und Methoden

2.1 Untersuchungsgebiete

Die Untersuchungsgebiete befanden sich im Kanton Aargau. Die südlichsten Gebiete lagen in der Gemeinde Unterkulm, die nördlichsten in der Gemeinde Döttingen. In Abbildung 1 wurden die Untersuchungsgebiete kartografisch aufgeführt. Der Kanton Aargau wurde als Untersuchungsgebiet gewählt, weil hier öffentlich zugängliche GIS-Daten von BFF vorlagen und genügend geeignete BFF pro Untersuchungsgebiet vorkamen.

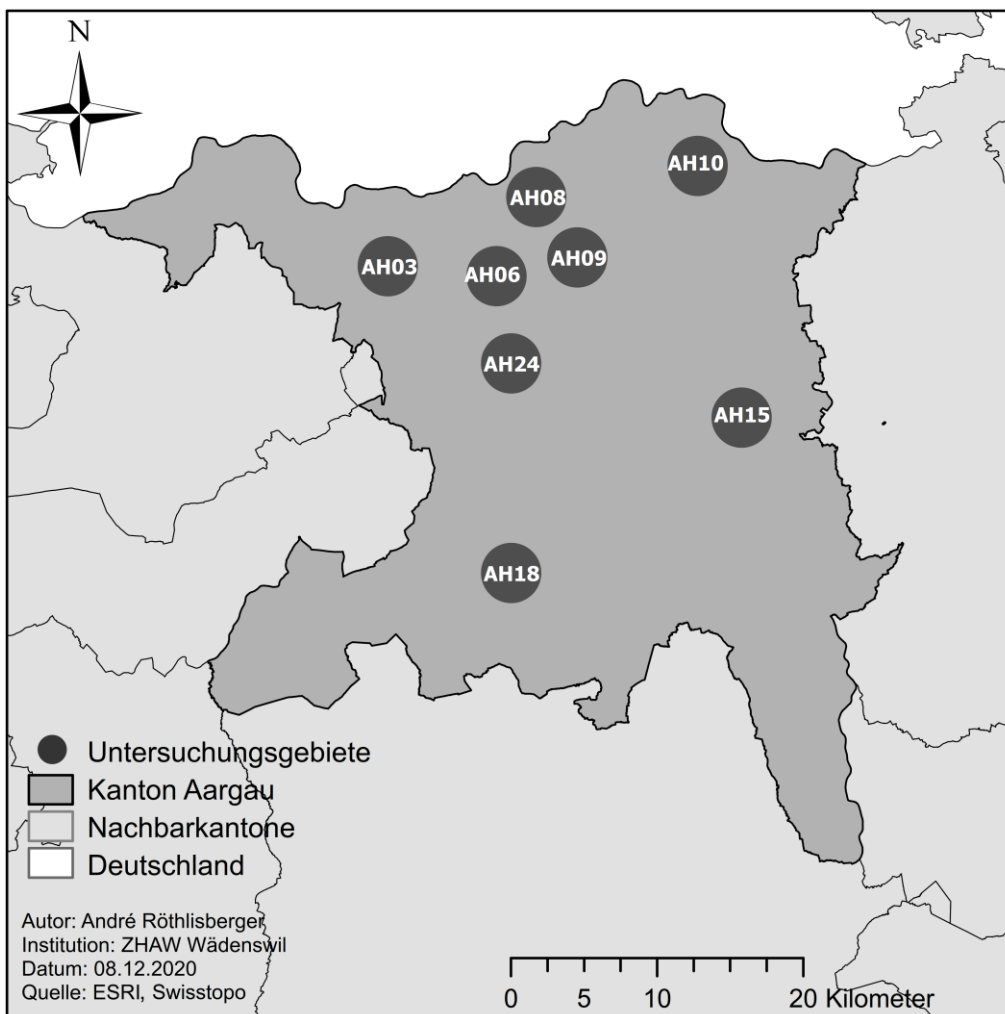


Abbildung 1: Übersicht der Untersuchungsgebiete im Kanton Aargau.

2.2 Untersuchungsflächen

Wie aus Abbildung 1 hervorging, wurden acht Untersuchungsgebiete (ein Untersuchungsgebiet folgend als Quartett bezeichnet) mit zwei extensiv genutzten Wiesen (Q1 und Q2) und zwei extensiv genutzten Weiden (Q1 und Q2) ausgewählt. Die Auswahl erfolgte mit dem Geoinformationssystem ArcGIS Pro (ESRI, 2019). Die acht Quartette wurden in zwei Schritten evaluiert, die nachfolgend beschrieben werden.

In einem ersten Schritt wurden innerhalb eines Quartetts die einzelnen vier BFF ausgeschieden. Dies geschah unter Einhaltung der Kriterien aus Tabelle 2, damit die BFF miteinander verglichen werden konnten. Innerhalb der BFF wurden dann die 33 m x 33 m grossen Untersuchungsflächen platziert. Zur Veranschaulichung wurde in Abbildung 2a ein Quartett dargestellt. Die exakten Koordinaten der Untersuchungsflächen wurden im Anhang 1 aufgeführt.

Tabelle 2: Kriterien zur Auswahl der Biodiversitätsförderflächen (BFF) mit den darin integrierten Untersuchungsflächen.

Kriterium	Beschreibung
Neigung	Neigung grösser als 1°
Ausrichtung	Süd-West – Süd-Ost (125° - 225°) ausgerichtet
Randeffekte 1	Genügend Abstand zu Hecken (10 m) und Waldrand (10 m) ist einzuhalten.
Randeffekte 2	Innerhalb eines Quartetts durften BFF nicht aneinander angrenzen. Abstand zwischen BFF: mindestens 100 m, bei Isolation der BFF durch Strassen oder strukturlose Fettwiesen: mindestens 50 m
Randeffekte 3	Innerhalb der Quartette musste Homogenität gegeben sein. So durfte beispielsweise ein Quartett in Waldlichtungen liegen, sofern alle BFF des Quartettes ähnliche Lageparameter aufwiesen.
Flächenanordnung	Innerhalb eines Quartetts mussten alle vier BFF (extensiv genutzte Weiden Q1 / Q2 und extensiv genutzte Wiesen Q1 / Q2) vom Mittelpunkt des Quartetts in einem Radius von 500 m vorhanden sein.
Flächengrösse	BFF, die den oberen Kriterien entsprachen, mussten eine Grösse von mindestens 2'000 m ² aufweisen. Dabei musste die quadratische Untersuchungsfläche von 33 m x 33 m darin eingeschlossen werden.

Daraus resultierten 25 potenzielle Quartette, die in einem zweiten Schritt auf acht Quartette reduziert wurden. Dabei wurden von allen Quartetten die Landnutzungen (unterteilt in BFF, LN (ohne BFF), Wald, Gewässer, Bauzone (ohne Gebäude), Gebäude, Strassen, Eisenbahn und Deponien) in einem Radius von 2'000 m (gemessen ab dem Mittelpunkt zwischen den vier Flächen) erfasst. Um die Relevanz der BFF auf die Heuschreckenvielfalt zu erheben, wurden die Landnutzungskategorien BFF und LN genauer betrachtet, die in der Abbildung 2b aufgeführt wurden. Daraus wurde der Anteil BFF / LN, BFF / Gesamtfläche und LN / Gesamtfläche berechnet.

Dabei galt, dass nur Quartette mit einem Anteil LN / Gesamtfläche von 40 bis 60 Prozent LN berücksichtigt wurden, um vergleichbarere Quartette zu erhalten. Anschliessend wurde der Anteil BFF / Gesamtfläche in acht gleichmässige Kategorien zwischen Werten von 8.5 % und 26.1 % BFF / Gesamtfläche eingeteilt. Aus jeder Kategorie wurde ein Quartett ausgewählt. Dabei galt, dass sich die Quartette nicht überschneiden durften. Bei einer Überschneidung von Quartetten wurde eines der überlagerten Quartette mit einem anderen aus derselben Kategorie ausgetauscht.

Nach Abschluss der Flächenauswahl wurden alle Bewirtschafter/innen der Flächen kontaktiert, um die Erlaubnis zur Betretung der Flächen einzuholen. Zudem wurde bei den Weiden nachgefragt, welche Nutztierarten die Weideflächen bestossen, wobei alle Weideflächen mit Rindern bestossen wurden.

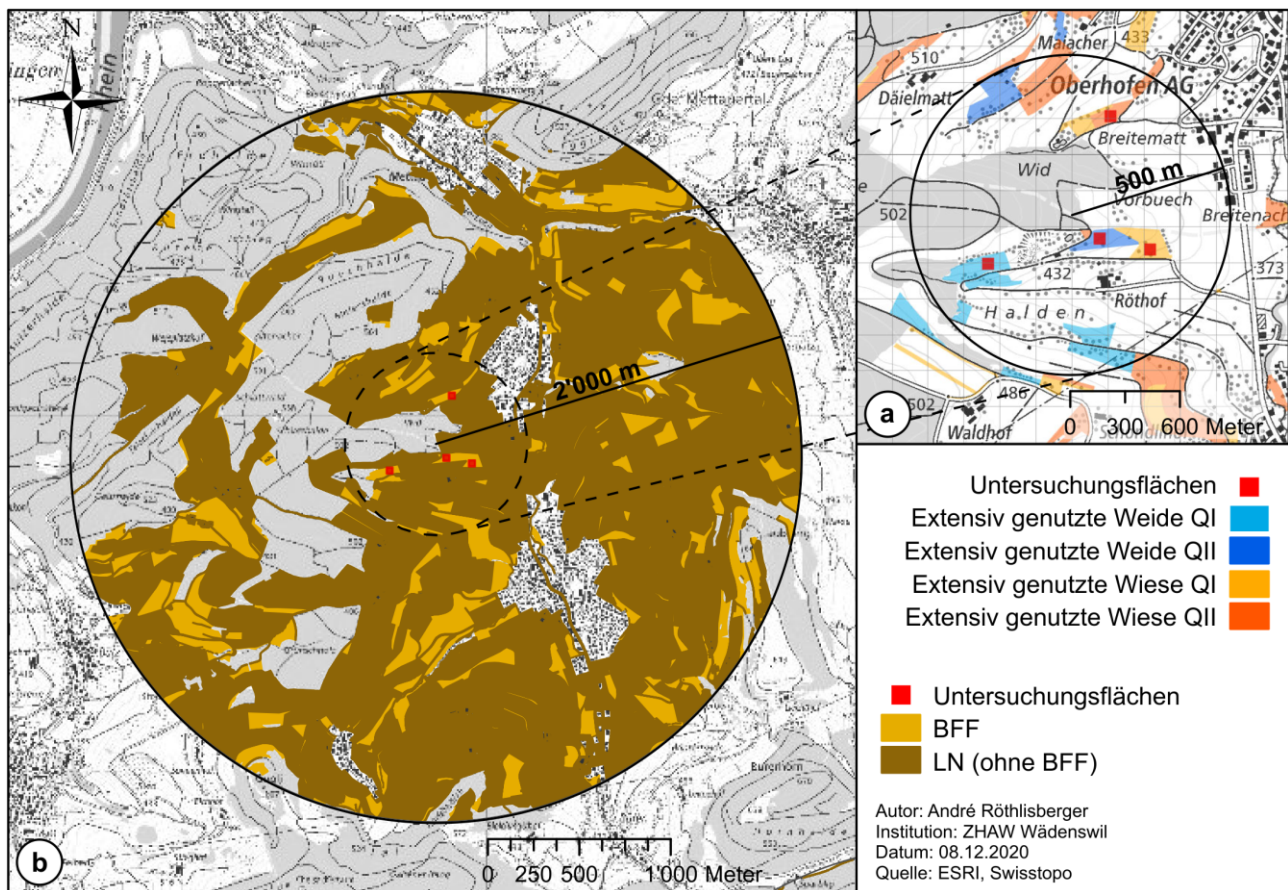


Abbildung 2: Übersicht über ein Quartett und deren Untersuchungsflächen. a) Detailausschnitt des Quartetts mit allen vier Untersuchungsflächen. b) Das Quartett mit den Landnutzungstypen Biodiversitätsförderflächen (BFF) und Landwirtschaftliche Nutzfläche ohne BFF (LN ohne BFF) erfasst in einem Radius von 2'000 m um den Mittelpunkt des Quartetts.

2.3 Heuschreckenkartierung

Die Heuschreckenkartierung erfolgte auf jeder Untersuchungsfläche zweimal zwischen dem 31. Juli 2020 und dem 27. August 2020. Alle vier Untersuchungsflächen eines Quartetts wurden jeweils am selben Tag zwischen 10:00 Uhr und 18:00 Uhr kartiert. Untersuchungsflächen wurden nur dann kartiert, wenn die entsprechende Untersuchungsfläche sonnenbeschienen war (ausgenommen waren heisse Hochsommertage ab 30 °C). Die Temperatur musste mindestens 20 °C betragen. Die Windstärke durfte 3 Bf (Beaufort) nicht übersteigen.

Vor der Heuschreckenkartierung wurde eine quadratische Untersuchungsfläche von 33 m x 33 m mit vier Markierfähnchen abgesteckt und zur Dokumentation fotografiert. Danach wurden die Eigenschaften der Untersuchungsfläche (beispielsweise durchschnittliche Vegetationshöhe, Deckungsgrad usw.) aufgenommen, die detailliert im Anhang 2 aufgeführt wurden.

Die Heuschreckenvielfalt wurde während ungefähr 15 min visuell und akustisch erfasst, dabei wurde die Arten- und Individuenzahlen ermittelt. Für die visuelle Bestimmung wurde die Streifnetzmethode (Kescherdurchmesser von 0.4 m) (Gardiner et al., 2005) entlang eines Transektes (Gardiner, 2009) angewandt. Dazu wurde die Fläche, wie in Abbildung 3 dargestellt, sechsmal durchschritten mit mindestens fünf Doppelkescherschlägen (fünfmal hin und her in einem 180° Bogen vor dem Beobachter) pro Teilstrecke. Die Heuschrecken wurden dabei im Umkreis von 2 m auf beiden Seiten des Transektes eingefangen, direkt bestimmt und anschliessend wieder freigelassen. Um

Doppelzählungen zu minimieren, wurde der Abstand zwischen den Teilstrecken auf 5 m dimensioniert (Schirmel et al., 2011).

Zusätzlich wurden die Arten entlang der Transektlinie akustisch erfasst, um die Arten und Individuen, die mit der Streifnetzmethode nicht gefangen wurden, ebenfalls zu erfassen. Visuell schwierig zu unterscheidende Arten wie *Chorthippus biguttulus* und *Chorthippus brunneus* wurden akustisch bestimmt und die gesichteten

Individuen prozentual an die akustisch identifizierten Individuen angepasst. Die

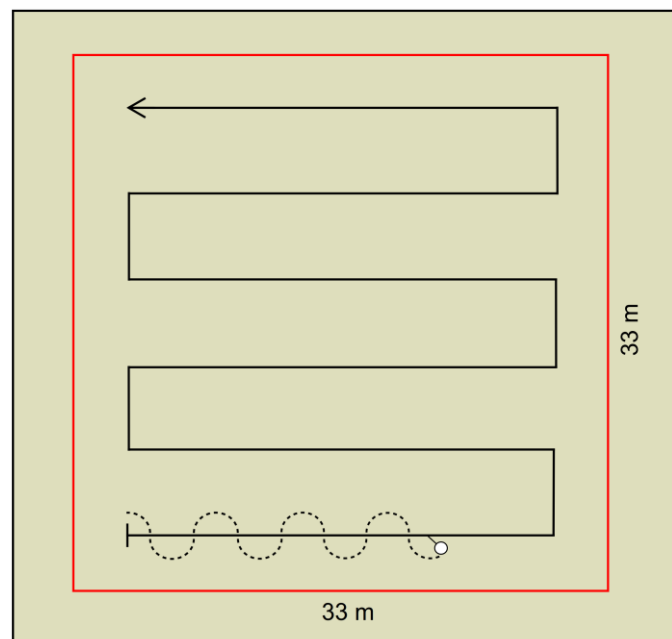


Abbildung 3: Transekt der Heuschreckenkartierung innerhalb der Untersuchungsfläche.

Tiere der Gattung *Tetrix* wurden nur in adultem Zustand bestimmt, im Larvenstadium wurde nur die Gattung aufgenommen. Bei jeder Untersuchungsfläche wurde pro Art angegeben, ob die Art visuell, akustisch oder kombiniert bestimmt wurde. Zusätzlich wurde jede Art pro Untersuchungsfläche mit einem Foto belegt. Nach jeder Kartierung wurden weitere Arten, die ausserhalb einer Untersuchungsfläche vorkamen, notiert. Diese wurden aber nicht in den statistischen Auswertungen berücksichtigt, weil alle zusätzlichen Arten spätestens bei der zweiten Kartierung in der Untersuchungsfläche vorgefunden wurden. Für die Heuschreckenkartierung verwendeten Materialien wurden in Tabelle 3 aufgeführt.

Tabelle 3: Für die Heuschreckenkartierung verwendeten Materialien.

Anzahl	Objekt	Beschreibung	Verwendungszweck
4	Markierfähnchen	-	Markierung der Untersuchungsfläche
1	Kamera	Olympus OM-D E-M5 Mark II	Bilddokumentation der Heuschreckenarten und der Untersuchungsflächen
8	Erhebungsbogen	Siehe Anhang 3	Erstellung Artenliste
1	Bestimmungsliteratur	Die Stimmen der Heuschrecken (Roesti & Keist, 2009)	Bestimmung der Heuschreckenarten
1	Bestimmungsliteratur	Die Heuschrecken der Schweiz (Baur & Roesti, 2006)	Bestimmung der Heuschreckenarten
1	Kescher	40 cm, Netzfarbe: Oliv	Einfanghilfe für Streifnetzmethode
2	Bestimmungsgläser	53x100 mm	Zur Bestimmung schwieriger Arten

2.4 Statistische Auswertung

Zur Datenanalyse wurde die Statistikumgebung R verwendet (R Core Team, 2017). Die verwendeten R-Befehle finden sich im Anhang 9. Die Arten- und Individuenzahlen wurden in drei Kategorien eingeteilt: Total, Umweltziele Landwirtschaft (UZL-Arten) nach Aeschbacher et al. (2008) und Rote Liste (RL-Arten) nach Monnerat et al. (2007). Die UZL-Arten beinhalten Arten, die schwerpunktmässig auf der landwirtschaftlich genutzten Fläche vorkommen oder von der landwirtschaftlichen Nutzung abhängig sind. Die RL-Arten beinhalten die gefährdeten Arten der Schweiz, die als besonders schützenswert zu beurteilen sind. Die Art- und Individuenkategorien wurden bei allen statistischen Auswertungen berücksichtigt, ausser bei der Indikator- und der Redundanzanalyse.

Um die Unterschiede der Heuschreckenvielfalt (Artenzahlen und Individuenzahlen pro Minute) zwischen extensiv genutzten Wiesen und extensiv genutzten Weiden sowie zwischen der Q1 und

Q2 statistisch festzustellen, wurde zuerst die Normalverteilung getestet (Shapiro-Test). Sobald die Normalverteilung gegeben war, wurden die p-Werte berechnet (gepaarte T-Tests). Lag keine Normalverteilung vor, wurde der Wilcoxon-Test angewandt. Die Ergebnisse wurden mit $p < 0.05$ als signifikant angesehen.

Zur statistischen Unterscheidung der Heuschreckenvielfalt (Artenzahlen und Individuenzahlen pro Minute) zwischen extensiv genutzten Wiesen mit Q1, extensiv genutzten Wiesen mit Q2, extensiv genutzten Weiden Q1 und extensiv genutzten Weiden Q2, wurde eine Varianzanalyse (ANOVA) durchgeführt. Dazu wurde zuerst die Normalverteilung getestet (Shapiro-Test), danach wurde die Varianzhomogenität getestet (Bartlett-Test). Bei Varianzhomogenität wurde dann eine ANOVA durchgeführt. Um die Unterschiede zwischen den einzelnen Stichproben der ANOVA festzustellen, wurde der TukeyHSD-Test verwendet (Dubitzy et al., 2013). Die Ergebnisse wurden mit $p < 0.05$ als signifikant betrachtet.

Um charakteristische Arten (Indikatorarten) für die verschiedenen BFF-Typen und dem Habitatparameter Altgras zu identifizieren, wurde der IndVal-Index (Dufrene & Legendre, 1997) aus dem R-Paket «indicspecies» (Cáceres & Legendre, 2009) mit 999 Permutationen verwendet. Dabei wurden nur Arten mit signifikanten Werten ($p\text{-Wert} < 0.05$) in die Resultate einbezogen. Für den Habitatparameter Altgras wurden die Werte der Habitatparameter Anteil Altgras (%) in drei Kategorien eingeteilt, die detailliert im Anhang 2 aufgeführt wurden.

Neben der Indikatoranalyse wurde eine Redundanzanalyse durchgeführt, die die Ähnlichkeit der Heuschreckengemeinschaften in Bezug auf die Nutzungstypen (extensiv genutzte Wiesen und extensiv genutzte Weiden) und Qualitätsstufe (Q1 und Q2) beschreibt. Die Analyse wurde mit der Computersoftware Canoco 5.12 (Šmilauer & Lepš, 2014) durchgeführt. Die Heuschreckenarten wurden als abhängige Variablen gewählt, die Nutzungstypen und Qualitätsstufen als erklärende Variablen. Die Anzahl Permutationen betrug 499.

Für die Analyse der Einflüsse von Untersuchungs- und Umweltfaktoren auf die Arten- und Individuenzahlen (nicht zeitskaliert) wurden verallgemeinerte univariate lineare Mischmodelle (glmer) aus dem R-Paket «lme4» (Bates et al., 2015) erstellt. Dazu wurde das Untersuchungsgebiet als Zufallsfaktor definiert. Alle Variablen mit einem p-Wert kleiner als 0.1 wurden in ein multivariates Modell gesetzt, das mit der Funktion «dredge» aus dem R-Paket "MuMIn" (Barton, 2020) berechnet wurde. Davon ausgenommen waren Variablen, die viele Nullen enthielten und aufgrund weniger Messungen Signifikanzen anzeigten. Deshalb wurden sie bei der gegebenen Stichprobengrösse als unzuverlässig klassiert. Die Berechnung ergab weitere Modelle,

von welchen diejenigen mit einem $\Delta A/Cc < 4$ (Akaike Information Criterion) beibehalten wurden, um das endgültige Modell zu bilden (Burnham et al., 2011). Als Endmodell wurde das gemittelte Modell (conditional average) verwendet. Anschliessend wurden alle Variablen, dessen Konfidenzintervalle den Wert Null einschliessen, verworfen, weil sie als effektschwach angesehen werden müssen (Di Stefano, 2004; Steidl & Thomas, 2001). Veranschaulicht wurden die Resultate mit linearen Regressionen.

3 Resultate

Insgesamt wurden während den Erhebungen 3'335 Heuschreckenindividuen von 23 Arten festgestellt (Tabelle 4). Davon galten 8 Arten als RL-Arten und 11 Arten als UZL-Arten. Dabei stammten 820 Individuen (24.6 %) von 16 Arten aus den extensiv genutzten Wiesen mit Q1, 684 Individuen (20.5 %) von 14 Arten aus den extensiv genutzten Wiesen mit Q2. Die extensiv genutzten Weiden mit Q1 wiesen 838 Individuen (25.1 %) von 20 Arten auf, extensiv genutzte Weiden mit Q2 993 Individuen (29.8 %) von 17 Arten.

Tabelle 4: Liste der nachgewiesenen Arten, unterteilt in extensiv genutzte Wiesen und extensiv genutzte Weiden mit Qualitätsstatus 1 (Q1) und Qualitätsstatus 2 (Q2). Arten der Umweltziele Landwirtschaft (UZL-Arten) nach Aeschbacher et al. (2008), Gefährdungsstatus nach der Roten Liste der Schweiz (Monnerat et al., 2007): LC = nicht gefährdet, NT = potenziell gefährdet, VU = verletzlich.

Art	Gefährdungs- status	UZL- Arten	Extensiv genutzte Wiesen		Extensiv genutzte Weiden		TOTAL
			Q1	Q2	Q1	Q2	
<i>Calliptamus italicus</i>	VU	Ja	1	1	4	1	7
<i>Chorthippus biguttulus</i>	LC		348	259	323	467	1397
<i>Chorthippus brunneus</i>	LC		8	14	38	8	68
<i>Chorthippus dorsatus</i>	LC	Ja	187	109	136	229	661
<i>Chorthippus parallelus</i>	LC		160	95	105	41	401
<i>Conocephalus fuscus</i>	VU	Ja			25		25
<i>Euthystira brachyptera</i>	LC	Ja				2	2
<i>Gomphocerippus rufus</i>	LC		1	4	37	20	62
<i>Gryllus campestris</i>	LC		1	5	3	3	12
<i>Leptophyes punctatissima</i>	LC					1	1
<i>Mecostethus parapleurus</i>	LC	Ja	38	22	2	2	64
<i>Metrioptera bicolor</i>	VU	Ja	1	30	7	16	54
<i>Metrioptera roeselii</i>	LC		31	31	16	15	93
<i>Omocestus rufipes</i>	NT	Ja			3	3	6
<i>Phaneroptera falcata</i>	VU	Ja	6	19	7	22	54
<i>Platycleis albopunctata</i>	NT	Ja	18	72	72	135	297
<i>Ruspolia nitidula</i>	NT			1	1		2
<i>Stenobothrus lineatus</i>	LC	Ja	4	20	33	14	71
<i>Stethophyma grossum</i>	VU	Ja			12		12
<i>Tetrix subulata</i>	LC		5		2		7
<i>Tetrix tenuicornis</i>	LC				5	6	11
<i>Tetrix undulata</i>	LC		2				2
<i>Tetrix sp. (Nympe)</i>	-		8	2	5	8	23
<i>Tettigonia viridissima</i>	LC		1		2		3
Individuenzahl			820	684	838	993	3335
Gesamtartenzahl			16	14	20	17	23

Zwischen den extensiv genutzten Wiesen (Q1 und Q2) und extensiv genutzten Weiden (Q1 und Q2) wurden weder bei den Artenzahlen (Total: p-Wert: 0.104; UZL-Arten: p-Wert: 0.387; RL-Arten: p-Wert: 0.116) noch bei den Individuenzahlen pro Minute (Total: p-Wert: 0.676; UZL-Arten: p-Wert: 0.082; RL-Arten: p-Wert: 0.196) signifikante Unterschiede festgestellt, wie für die Individuenzahlen pro Minute in Abbildung 4 dargestellt wurde. Alle anderen Darstellungen wurden im Anhang 5 abgelegt.

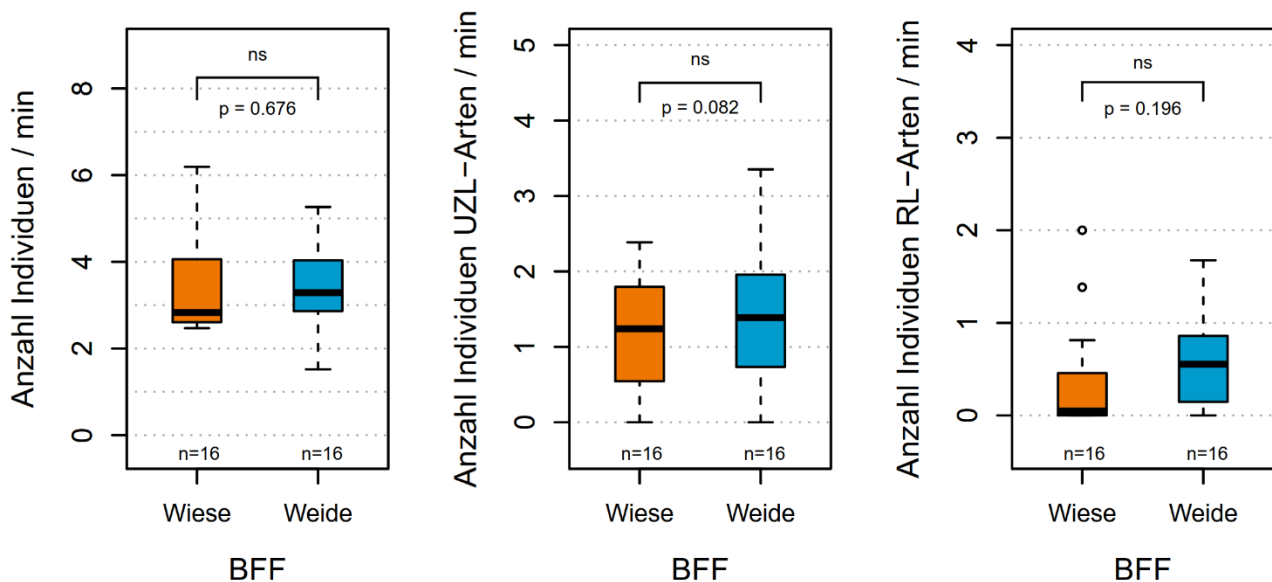


Abbildung 4: Vergleiche zwischen den Biodiversitätsförderflächen (BFF) extensiv genutzte Wiese (Q1 und Q2) und extensiv genutzte Weide (Q1 und Q2). Dargestellt sind Individuenzahlen pro Minute von der Gesamtartenzahl, Umweltziele Landwirtschaft Arten (UZL-Arten) nach Aeschbacher et al. (2008) und Roten Liste Arten (RL-Arten) nach Monnerat et al. (2007). Für die Signifikanzklassen gelten die Bezeichnungen: *** p-Wert < 0,001, ** p < 0,01, * p < 0,05, ns p > 0.05.

Wurden nur die Qualitätsstufen (Q1 und Q2) von extensiv genutzten Wiesen und extensiv genutzten Weiden miteinander verglichen (Abbildung 5), zeigten sich bei der Gesamtartenzahl keine signifikanten Unterschiede zwischen Q1 und Q2 (p-Wert = 0.307). Hingegen wiesen BFF mit Q2 signifikant mehr UZL-Arten und RL-Arten auf als BFF mit Q1 (UZL-Arten: p-Wert: 0.012; RL-Arten: p-Wert: 0.023). Bei den Individuenzahlen pro Minute wurden bei keiner Kategorie (Total: p-Wert = 0.565; UZL-Arten: p-Wert: 0.276; RL-Arten: p-Wert: 0.082) signifikante Unterschiede festgestellt. Nicht dargestellte Abbildungen wurden im Anhang 5 abgelegt.

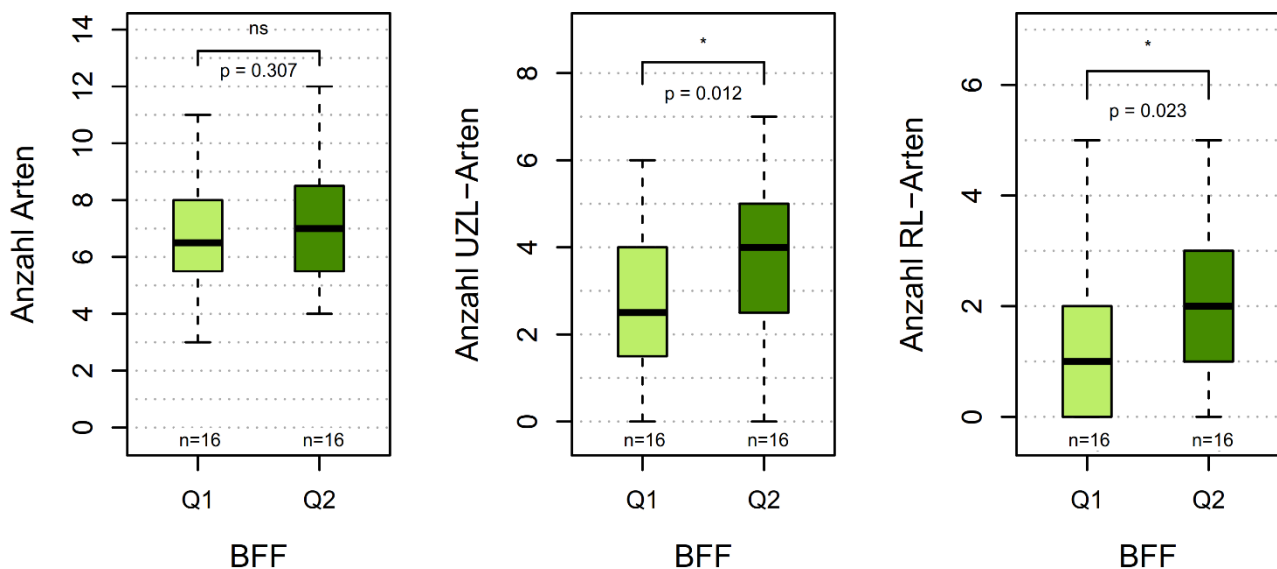


Abbildung 5: Vergleiche zwischen den Biodiversitätsförderflächen (BFF extensiv genutzte Wiese und BFF extensiv genutzte Weide) mit Qualitätsstufe 1 (Q1) und Qualitätsstufe 2 (Q2). Dargestellt sind Artenzahlen als Gesamtartenzahl, Umweltziele Landwirtschaft Arten (UZL-Arten) nach Aeschbacher et al. (2008) und Roten Liste Arten (RL-Arten) nach Monnerat et al. (2007). Für die Signifikanzklassen gelten die Bezeichnungen: *** p-Wert < 0,001, ** p < 0,01, * p < 0,05, ns p > 0,05.

Wurden alle vier BFF-Typen miteinander verglichen, zeigten sich weder bei den Arten- noch bei den Individuenzahlen statistisch relevante Unterschiede (p-Werte im Anhang 6, Abbildungen im Anhang 7). Dennoch war bei den extensiv genutzten Wiesen mit Q2 und bei den extensiv genutzten Weiden mit Q2 tendenziell eine höhere Anzahl an UZL- und RL-Arten vorhanden als bei der Q1. Diese Tendenz konnte bei der Individuenzahl pro Minute UZL- und RL-Arten nicht beobachtet werden. In Abbildung 6 wurden die Resultate der UZL-Arten dargestellt.

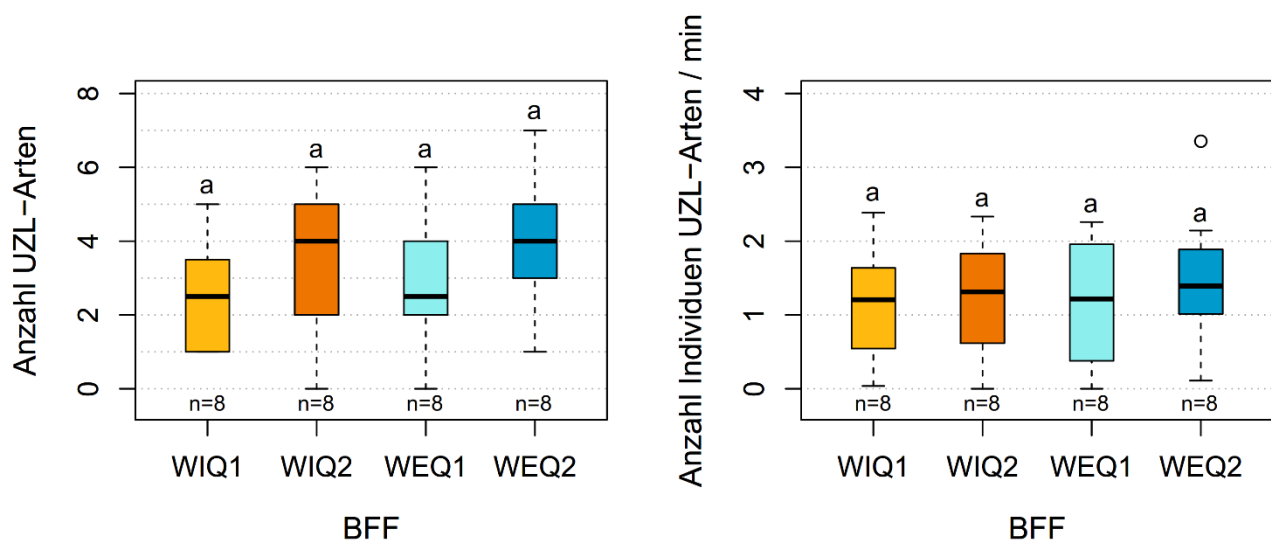


Abbildung 6: Vergleiche zwischen den Biodiversitätsförderflächen (BFF) extensiv genutzte Wiese mit Qualitätsstufe 1 (WIQ1), extensiv genutzte Wiese mit Qualitätsstufe 2 (WIQ2), extensiv genutzte Weide mit Qualitätsstufe 1 (WEQ1) und extensiv genutzte Weide mit Qualitätsstufe 2 (WEQ2). Dargestellt sind Arten- und Individuenzahlen der Kategorie Umweltziele Landwirtschaft Arten (UZL-Arten) nach Aeschbacher et al. (2008). Die Kleinbuchstaben zeigen die Signifikanz zwischen den Stichproben an.

Mit der Indikatoranalyse wurden fünf Arten von fünf verschiedenen Bewirtschaftungsmerkmalen identifiziert, wie in Tabelle 5 dargestellt wurde. Dabei wurde *Phaneroptera falcata* als Charakterart für extensiv genutzte Wiesen mit Q2 und extensiv genutzten Weiden mit Q2 festgestellt (IndVal: 0.465, p-Wert: 0.034). Die Art *Mecostethus parapleurus* zeigte dagegen eine Präferenz für extensiv genutzte Wiesen mit Q1 und Q2 (IndVal: 0.765, p-Wert: 0.004). *Platycleis albopunctata* zog alle BFF-Typen vor, ausser die extensiv genutzten Wiesen mit Q1 (IndVal: 0.839, p-Wert: 0.029). Bei einem höheren Altgrasanteil als 10 % waren die Arten *Phaneroptera falcata* (IndVal: 0.761, p-Wert: 0.016) und *Omocestus rufipes* (IndVal: 0.577, p-Wert: 0.023) charakteristisch. Befand sich der Altgrasanteil zwischen 5 – 10 % zeigten die Arten *Platycleis albopunctata* (IndVal: 0.841, p-Wert: 0.017) und *Metrioptera bicolor* (IndVal: 0.816, p-Wert: 0.003) eine Präferenz.

Tabelle 5: Resultate der Indikatoranalyse für die Bewirtschaftungsmerkmale extensiv genutzte Wiese mit Qualitätsstufe 1 (WIQ1), extensiv genutzte Wiese mit Qualitätsstufe 2 (WIQ2), extensiv genutzte Weide mit Qualitätsstufe 1 (WEQ1), extensiv genutzte Weide mit Qualitätsstufe 2 (WEQ2), Altgrasanteil > 10 % und Altgrasanteil 5 – 10 %. Für die Signifikanzklassen gelten die Bezeichnungen: *** p-Wert < 0,001, ** p < 0,01, * p < 0,05

Bewirtschaftungsmerkmal	Art	IndVal	Signifikanz
WIQ2+WEQ2	<i>Phaneroptera falcata</i>	0.465	*
WIQ1+WIQ2	<i>Mecostethus parapleurus</i>	0.765	**
WIQ2+WEQ1+WEQ2	<i>Platycleis albopunctata</i>	0.839	*
Altgrasanteil > 10 %	<i>Phaneroptera falcata</i>	0.761	*
	<i>Omocestus rufipes</i>	0.577	*
Altgrasanteil 5 - 10 %	<i>Platycleis albopunctata</i>	0.841	*
	<i>Metrioptera bicolor</i>	0.816	**

Die Redundanzanalyse ergab, dass 12.1 % der Varianz des Datensatzes durch die Bewirtschaftungsform (Wiese und Weide) und die Qualitätsstufen (Q1 und Q2) erklärt werden konnten. Dabei erklärte die X-Achse 8.5 % der Varianz des Datensatzes, während die Y-Achse 3.6 % der Varianz des Datensatzes erklärte. In Abbildung 7 wurden die Ergebnisse der Redundanzanalyse grafisch dargestellt. Dabei zeigte sich, dass zwischen den vier BFF-Typen eine ähnliche Artenzusammensetzung herrschte.

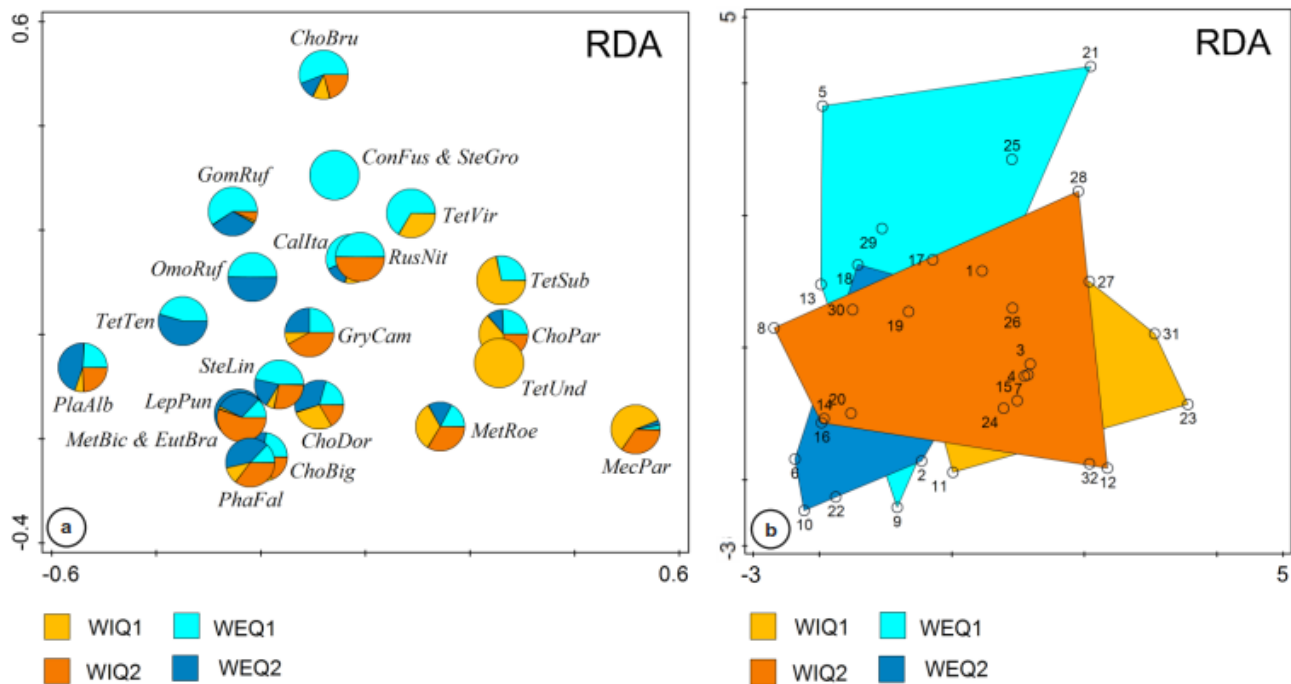


Abbildung 7: Ordinationsdiagramm der Redundanzanalysen (RDA), die den Effekt der Biodiversitätsförderflächen extensiv genutzte Wiese mit Qualitätsstufe 1 (WIQ1), extensiv genutzte Wiese mit Qualitätsstufe 2 (WIQ2), extensiv genutzte Weide mit Qualitätsstufe 1 (WEQ1) und extensiv genutzte Weide mit Qualitätsstufe 2 (WEQ2) auf a) die Arten- und b) die Artenzusammensetzung der Heuschrecken zeigt. Die beiden Achsen erklären 12.1 % der Varianz des Datensatzes. Callta = *Calliptamus italicus*, ChoBig = *Chorthippus biguttulus*, ChoBru = *Chorthippus brunneus*, ChoDor = *Chorthippus dorsatus*, ChoPar = *Chorthippus parallelus*, ConFus = *Conocephalus fuscus*, EutBra = *Euthystira brachyptera*, GomRuf = *Gomphocerippus rufus*, GryCam = *Gryllus campestris*, LepPun = *Leptophyes punctatissima*, MecPar = *Mecostethus parapleurus*, MetBic = *Metrioptera bicolor*, MetRoe = *Metrioptera roeselii*, OmoRuf = *Omocestus rufipes*, PhaFal = *Phaneroptera falcata*, PlaAlb = *Platycleis albopunctata*, RusNit = *Ruspolia nitidula*, SteLin = *Stenobothrus lineatus*, SteGro = *Stethophyma grossum*, TetSub = *Tetrix subulata*, TetTen = *Tetrix tenuicornis*, TetUnd = *Tetrix undulata*, TetVir = *Tettigonia viridissima*.

Die gemittelten Endmodelle zeigten, welche Untersuchungs- und Umweltfaktoren mit der Heuschreckenvielfalt zusammenhängten. Die signifikanten Faktoren wurden in Tabelle 6 aufgeführt. Eine Interaktion pro Art- und Individuenkategorie wurde in Abbildung 8 aufgeführt, nicht dargestellte Interaktionen wurden im Anhang 8 abgelegt.

Die totalen Artenzahlen interagierten negativ linear mit der Vegetationsbedeckung (p-Wert: 0.036). Hier wurden 1.2 Arten weniger nachgewiesen, sobald die Vegetationsbedeckung um 10 % zunahm. Zudem interagierten die totalen Artenzahlen positiv linear mit der maximalen Vegetationshöhe (p-Wert: 0.035). Wobei sich die Artenzahl um eine Art erhöhte, bei einer Zunahme der maximalen Vegetationshöhe von 10 cm (Abbildung 8a).

Bei den UZL-Arten wurde ebenfalls ein negativer linearer Zusammenhang mit der Vegetationsbedeckung festgestellt (p-Wert: 0.004). Hier wurden 1.2 UZL-Arten weniger nachgewiesen, sobald die Vegetationsbedeckung um 10 % stieg. Weiter zeigte sich eine positive

lineare Regression zwischen UZL-Arten und Altgrasanteil (p-Wert: 0.018). Dabei stieg die Anzahl UZL-Arten um 1.1, sobald der Altgrasanteil 10 % zunahm (Abbildung 8b). Auch die Differenz der Vegetationshöhen (Differenz der maximalen und der minimalen Vegetationshöhe) zeigte einen positiven linearen Zusammenhang mit den UZL-Arten (p-Wert: 0.022). Wobei 0.9 UZL-Arten mehr nachgewiesen wurden, sobald die Differenz der Vegetationshöhen um 10 cm zunahm.

Die RL-Arten zeigten ein ähnliches Muster wie die UZL-Arten. So wurde ein negativ linearer Zusammenhang zwischen Vegetationsbedeckung und RL-Arten festgestellt (p-Wert: 0.013). Hier wurden 1.1 RL-Arten weniger festgestellt bei einer Zunahme der Vegetationsbedeckung von 10 % (Abbildung 8c). Beim Altgrasanteil wurde zudem eine positive lineare Regression mit den RL-Arten festgestellt (p-Wert: 0.027). Diese zeigte, dass bei einer Zunahme von 10 % Altgras eine RL-Art mehr nachgewiesen wurde. Zusätzlich zeigte sich eine positive lineare Regression zwischen den RL-Arten und der maximalen Vegetationshöhe (p-Wert: 0.012). Dabei wurden 0.6 RL-Arten mehr nachgewiesen, sobald die maximale Vegetationshöhe 10 cm zunahm.

Die totalen Individuenzahlen interagierten positiv linear mit der Kartierungszeit (p-Wert: 0.000), der minimalen Vegetationshöhe (p-Wert: 0.001), der mittleren Vegetationshöhe (p-Wert: 0.001) und der Differenz der Vegetationshöhen (p-Wert: 0.033). Bei der minimalen Vegetationshöhe wurden 1.7 Individuen mehr nachgewiesen, bei einer Zunahme der minimalen Vegetationshöhe von 10 cm. Mit derselben Erhöhung der Vegetationshöhe zeigten sich bei der mittleren Vegetationshöhe 9 Individuen mehr (Abbildung 8d), bei der Differenz der Vegetationshöhen 15 Individuen mehr.

Die Individuenzahlen der UZL-Arten zeigten eine positiv lineare Regression mit der Kartierungszeit (p-Wert: 0.009), der Differenz der Vegetationshöhen (p-Wert: 0.050) und dem Anteil BFF / Gesamtfläche (p-Wert: 0.015). Sobald die Differenz der Vegetationshöhe um 10 cm stieg, wurden 13 Individuen mehr nachgewiesen. Bei einer Erhöhung des Anteils BFF / Gesamtfläche von 5 % wurden von den UZL-Arten 23 Individuen mehr festgestellt (Abbildung 8e).

Die Individuenzahlen der RL-Arten interagierten negativ linear mit der Vegetationsbedeckung (p-Wert: 0.000). Hier wurden 9.6 Individuen von RL-Arten weniger nachgewiesen, sobald die Vegetationsbedeckung 10 % zunahm. Zudem zeigten die Individuenzahlen der RL-Arten einen positiven linearen Zusammenhang mit der Kartierungszeit (p-Wert: 0.016), der minimalen Vegetationshöhe (p-Wert: 0.008), der maximalen Vegetationshöhe (p-Wert: 0.008) und dem Altgrasanteil (p-Wert: 0.000). Wobei die Individuenzahl der RL-Arten um 1 stieg, sobald die minimale Vegetationshöhe um 10 cm zunahm. Sobald die maximale Vegetationshöhe um 10 cm stieg, wurden 5.2 Individuen mehr nachgewiesen. Bei einer Zunahme des Altgrasanteils um 10 % stieg die Individuenzahl der RL-Arten um 9 Individuen (Abbildung 8f).

Tabelle 6: Zusammenfassende Ausgabe der gemittelten Endmodelle zur Vorhersage der Arten- und Individuenzahlen von der Gesamtartenzahl (Total), Umweltziele Landwirtschaft Arten (UZL-Arten) nach Aeschbacher et al. (2008) und Roten Liste Arten (RL-Arten) nach Monnerat et al. (2007). Dargestellt sind Parameterschätzungen (Est.), Standardfehler (SE) und Signifikanz (Sig.) (***) p-Wert < 0,001, ** p < 0,01, * p < 0,05).

Artenzahl	Total			UZL-Arten			RL-Arten		
	Est.	SE	Sig.	Est.	SE	Sig.	Est.	SE	Sig.
Intercept									
Kartierungszeit									
Vegetationsbedeckung	-1.3	0.6	*	-2.6	0.9	**	-5.1	2.0	*
Altgrasanteil				2.2	0.9	*	4.9	2.1	*
Minimale Vegetationshöhe									
Mittlere Vegetationshöhe									
Maximale Vegetationshöhe	0.0	0.0	*				0.1	0.0	*
Differenz Vegetationshöhe				0.0	0.0	*			
Anteil BFF / Gesamtfläche									
Individuenzahl	Total			UZL-Arten			RL-Arten		
	Est.	SE	Sig.	Est.	SE	Sig.	Est.	SE	Sig.
Intercept	3.4	0.2	***						
Kartierungszeit	0.0	0.0	***	0.1	0.0	**	0.1	0.0	*
Vegetationsbedeckung							-10.5	2.5	***
Altgrasanteil							10.4	2.6	***
Minimale Vegetationshöhe	-0.0	0.0	**				-0.1	0.0	**
Mittlere Vegetationshöhe	-0.0	0.0	***						
Maximale Vegetationshöhe							-0.1	0.0	**
Differenz Vegetationshöhe	-0.0	0.0	*	0.0	0.0	*			
Anteil BFF / Gesamtfläche				0.3	0.1	*			

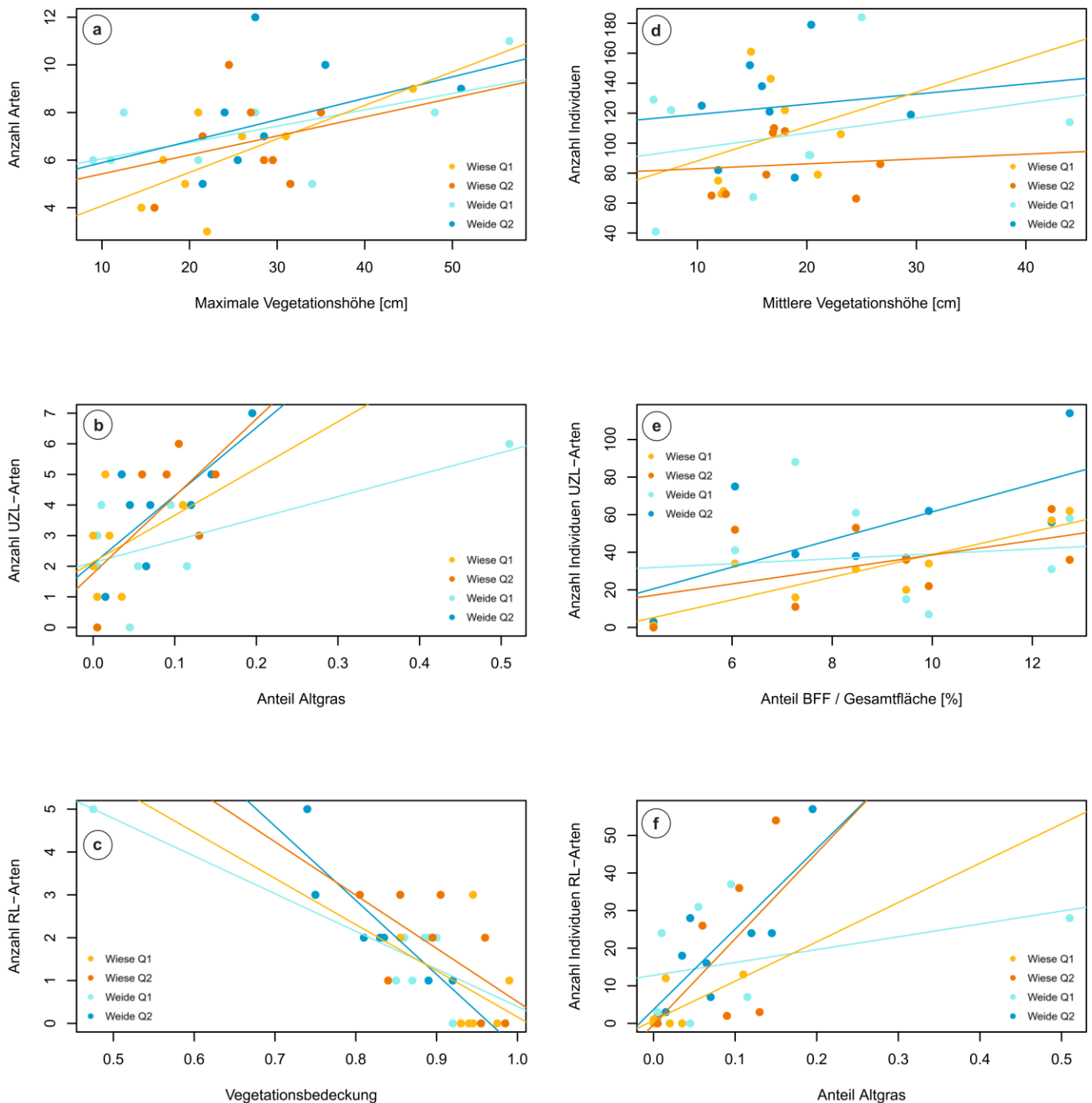


Abbildung 8: Lineare Regressionen zwischen den Art- und Individuenkategorien und den Habitatparametern. a) Anzahl Arten und maximale Vegetationshöhe, b) Anzahl Umweltziele Landwirtschaft Arten (UZL-Arten) und Altgrasanteil, c) Anzahl Rote Liste Arten (RL-Arten) und Vegetationsbedeckung, d) Totale Individuenzahl und mittlere Vegetationshöhe, e) Anzahl Individuen UZL-Arten und Anteil Biodiversitätsförderfläche (BFF) / Gesamtfläche, f) Anzahl Individuen RL-Arten und Altgrasanteil. Die Regressionslinien wurden für jeden BFF-Typ einzeln abgebildet, wobei extensiv genutzte Wiesen mit Qualitätsstufe 1 (Q1) gelb, extensiv genutzte Wiesen mit Qualitätsstufe 2 (Q2) orange, extensiv genutzte Weiden mit Qualitätsstufe 1 (Q1) hellblau und extensiv genutzte Weiden mit Qualitätsstufe 2 (Q2) blau dargestellt werden.

4 Diskussion

Der Vergleich zwischen BFF mit Q1 und BFF mit Q2 legt offen, dass BFF mit Q2 eine signifikant höhere Artenvielfalt aufweisen als BFF mit Q1. Dieser Effekt wird aber nur bei den Artenzahlen der UZL- und RL-Arten festgestellt. Bei der Gesamtartenzahl und bei allen Individuenkategorien (Total, UZL-Arten und RL-Arten) zeigt sich keine statistisch relevante Erhöhung bei BFF mit Q2. So kann die Annahme, dass BFF mit Q2 eine höhere Heuschreckenvielfalt aufweisen als BFF mit Q1, nur teilweise bestätigt werden. Wichtig dabei ist, dass besonders die Artenzahlen der UZL- und RL-Arten positiv auf BFF mit Q2 reagieren. Denn die UZL- und RL-Arten beinhalten die schützenswerten Arten, die am sensibelsten auf Veränderungen des Lebensraums reagieren (Aeschbacher et al., 2008; Monnerat et al., 2007). Daraus geht hervor, dass die bestehende floristische Einteilung der BFF in Qualitätsstufen durchaus wirkungsstark sein kann, weil die Einstufung nicht nur die floristische Artenvielfalt fördert, sondern auch die faunistische Artenvielfalt. Diese Befunde ergänzen die ähnlichen Ergebnisse des Monitoringprogramms «Arten und Lebensräume Landwirtschaft» (ALL-EMA) (BLW, 2019), welches den Einfluss der Qualitätsstufen auf die Artengruppen der Tagfalter, Vögel und Pflanzen untersucht. Auch wenn die Einstufung in Qualitätsstufen zu einem befriedigenden Resultat führt, muss diskutiert werden, ob die Qualität der BFF auch ausreichend ist, um die Artenvielfalt zu erhalten bzw. zu fördern. Denn eine kürzlich erschienene Studie legt dar, dass im Jahr 2015 nur 27 % der BFF als naturnah einzustufen sind (Graf et al., 2020). Damit die Artenvielfalt einen umfassenden Nutzen von den BFF erhält, wäre einerseits laut Guntern et al. (2013) eine Verdoppelung des Anteils BFF nötig. Andererseits sollten BFF mit Q1, wenn es der Standort erlaubt, in BFF mit Q2 aufgewertet werden (Meichtry-Stier et al., 2014; Zingg et al., 2019).

Zwischen den extensiv genutzten Wiesen und extensiv genutzten Weiden können dagegen keine signifikanten Unterschiede bei der Heuschreckenvielfalt aufgezeigt werden, was mit den Befunden von Wettstein & Schmid (1999) einhergeht. Die Untersuchung von (Schmid et al., 2001) zeigt dagegen eine signifikant höhere faunistische Artenvielfalt in Weiden bei den Artengruppen der Spinnen, Wildbienen, Tagfalter und Heuschrecken. Die Untersuchung fand schweizweit statt, wovon sechs Untersuchungsflächen im Kanton Aargau lagen. Im Kanton Aargau werden dabei keinerlei Unterschiede der faunistischen Artenvielfalt zwischen Wiesen und Weiden festgestellt, während in anderen Kantonen wie Graubünden oder Wallis die Unterschiede deutlich sind. Dies führt zum Schluss, dass Aussagen über die Artenvielfalt von extensiv genutzten Wiesen und extensiv genutzten Weiden regionsspezifisch getroffen werden sollten. So zeigt sich, dass im

Kanton Aargau nicht nur die Nutzungstypen (Wiese oder Weide), sondern auch andere Faktoren ausschlaggebend sind für eine erhöhte Artenvielfalt. Welche Faktoren dies beinhaltet, wird mit den gemittelten Endmodellen gezeigt, die weiter unten diskutiert werden. Weshalb aber deutliche Unterschiede zwischen den Kantonen bestehen, kann mit den vorliegenden Daten nur vermutet werden. Eine mögliche Begründung liegt darin, dass im Kanton Aargau viele Heuschreckenarten (z.B. *Decticus verrucivorus* und *Oedipoda caerulea*) im letzten Jahrhundert durch Nutzungsveränderung und Zersiedelung bedrängt wurden. Dies würde mit den Beobachtungen von Frey-Gessner (1880) einhergehen, der für den Kanton Aargau aufzeigt wie sich die Heuschreckenvielfalt im vorletzten Jahrhundert zusammengesetzt hat. Die tiefere Artenzahl im Kanton Aargau bewirkt, dass Unterschiede zwischen den beiden Nutzungstypen weniger klar aufgezeigt werden können als in den artenreicheren Kanton der Schweiz. Um diese Vermutungen zu klären, könnte dieselbe Methodik dieser Untersuchung in einem anderen Kanton durchgeführt werden. Dafür würden sich artenreichere Kantone der Schweiz (z.B. Genf, Graubünden, Tessin und Wallis) bestens eignen.

Die Vergleiche zwischen extensiv genutzten Wiesen mit Q1, extensiv genutzten Wiesen mit Q2, extensiv genutzten Weiden Q1 und extensiv genutzte Weiden Q2 zeigen dieselben Muster, wie bereits oben beschrieben. Jedoch zeigen sich keinerlei signifikante Unterschiede, was einerseits durch den reduzierten Datensatz erklärt werden könnte. Andererseits wurden bei der Flächenauswahl nur südexponierte Flächen mit einer Neigung grösser als 1° ausgewählt, damit die Flächen besser miteinander verglichen werden konnten. Eine Neigung grösser als 1° kann aber auch nahezu ungeneigt sein. Dies führte dazu, dass eine Untersuchungsfläche (extensiv genutzte Weide Q1) stellenweise vernässt war und somit nicht mit den anderen Untersuchungsflächen verglichen werden konnte. So wurden in der vernässten Untersuchungsfläche zwei feuchtigkeitsliebende RL-Arten (*Conocephalus fuscus* und *Stethophyma grossum*) beobachtet, die sonst nirgends nachgewiesen wurden. Dennoch ist eine geringfügig erhöhte Vielfalt bei BFF mit Q2 zu beobachten, was umso mehr darauf schliesst, dass BFF mit Q2 die Heuschreckenvielfalt positiv beeinflussen. Damit die Daten von vernässten Flächen nicht im Datensatz vorkommen, sollte das Kriterium Neigung einen Wert grösser als 5° aufweisen, wie in der Untersuchung von Schmid et al. (2001) angewendet wird. Neben der Kategorisierung der BFF bestehen weitere erklärende Faktoren, die die Heuschreckenvielfalt beeinflussen, was im nachstehenden Absatz erörtert wird.

Die gemittelten Endmodelle legen die Wichtigkeit der untersuchten Habitatparameter dar. So zeigt sich, dass die Habitatparameter Vegetationsbedeckung, Altgrasanteil, die verschiedenen Vegetationshöhen und der Anteil BFF / Gesamtfläche die Qualität einer BFF bestimmen. Der Habitatparameter Vegetationsbedeckung zeigt bei nahezu allen Art- und Individuenkategorien einen negativen linearen Zusammenhang. So werden beispielsweise 1.2 UZL-Arten weniger nachgewiesen, sobald die Vegetationsbedeckung um 10 % zunimmt. Dieser Zusammenhang bestätigt eine Studie von Marini et al. (2010) bei einer Vegetationsbedeckung zwischen 50 % und 100 %. Bei zunehmender Vegetationsbedeckung im Bereich von 0 % bis 50 % wird die Heuschreckenvielfalt dagegen positiv beeinflusst. So könnten durch die Schaffung von offener Bodenfläche besonders Heuschrecken gefördert werden, die Pionierhabitate bevorzugen. In der Schweiz könnte dies beispielsweise zur Förderung der seltenen Art *Myrmeleotettix maculatus* eingesetzt werden, was gemäss Gardiner (2020) mit wenig Aufwand zu guten Erfolgen führt. Der Habitatparameter Altgrasanteil zeigt deutliche positive lineare Zusammenhänge zur Heuschreckenvielfalt auf. So steigt beispielsweise bei einer Zunahme des Altgrasanteil von 10 %, die Individuenzahl der RL-Arten um 9 Individuen, die Artenzahl der RL-Arten um 1.5. Dass das Vorhandensein eines Altgrasstreifens die Artenvielfalt deutlich erhöht, konnte bereits mehrmals aufgezeigt werden für Heuschrecken (Buri et al., 2013, 2016; Jean-Yves Humbert et al., 2018), Tagfalter (Kühne et al., 2015) und Gliederfüsser (Cizek et al., 2012). Beim Habitatparameter Altgrasanteil lassen sich praxisnahe und umsetzbare Schlüsse für die Verbesserung der ökologischen Qualität von den BFF extensiv genutzten Wiesen mit Q1 und Q2 ziehen. So sollte bei allen wiesenähnlichen BFF-Typen (Q1 sowie Q2) ein obligatorischer Altgrasstreifen von 5 – 10 % eingeführt werden, was zurzeit nur in Vernetzungsprojekten angewandt wird. Wie in anderen Studien aufgezeigt, fördert zudem eine schonende Mähtechnik (J.-Y Humbert et al., 2010), alternierende Mahd (Bruppacher et al., 2016; Buri et al., 2013, 2016; Jean-Yves Humbert et al., 2018) und eine Nachsaat mit regionalem Saatgut (Kiehl et al., 2010) die floristische und faunistische Artenvielfalt in BFF.

Weitere wichtige Habitatparameter umfassen die verschiedenen Vegetationshöhen (minimale, mittlere, maximale Vegetationshöhe und die Differenz der Vegetationshöhen). Bei zunehmender Vegetationshöhen steigen die Arten- oder Individuenzahlen der jeweiligen Kategorie (total, UZL-Arten, RL-Arten) an. Bei den UZL-Arten beispielsweise steigt die Individuenzahl um 15 Individuen, sobald die Differenz der Vegetationshöhe um 10 cm zunimmt. Auch dieser Zusammenhang kann durch eine Studie von Batáry et al. (2007) für die Individuenzahlen bestätigt werden. Durch die Einführung eines obligatorischen Altgrasanteils würden sich die Vegetationshöhen durchschnittlich

erhöhen, was somit zu einer Erhöhung der Heuschreckendichte führen würde.

Der Anteil BFF / Gesamtfläche beeinflusst in der vorliegenden Untersuchung nur die Individuenzahlen der UZL-Arten positiv. Hier steigt die Individuenzahl der UZL-Arten um 23, sobald der Anteil BFF / Gesamtfläche um 5 % zunimmt. Somit wird die anfangs getroffene Annahme, dass bei einem zunehmenden Anteil der BFF im Untersuchungsgebiet die Heuschreckenvielfalt steigt, nur teilweise bestätigt. Bei den Artenzahlen kann entgegen Zingg et al. (2019), kein Zusammenhang festgestellt werden. Zu beachten ist jedoch, dass der Anteil BFF / Gesamtfläche in einem Radius von 2000 m berechnet wurde. Dieser Radius ist wahrscheinlich zu gross, um den Einfluss des Anteils BFF / Gesamtfläche zu bestimmen. Dabei würde sich ein Radius von 500 m für Heuschrecken besser eignen (Torma & Bozsó, 2016).

Aus der Redundanzanalyse geht hervor, dass der Nutzungstyp (Wiese und Weide) und die Qualitätsstufe (Q1 und Q2) nur wenig Einfluss auf die Zusammensetzung der Heuschreckengemeinschaft hat. So ist die Schnittmenge der Heuschreckengemeinschaften von allen untersuchten BFF gross. Dennoch zeigte die Indikatoranalyse, dass nur UZL- und RL-Arten Präferenzen für die Nutzungstypen, Qualitätsstufen und Habitatparameter aufweisen. Besonders erwähnenswert ist einerseits die Präferenz von *Phaneroptera falcata* für BFF mit Q2. Andererseits sind die Präferenzen für BFF mit mehr als 10 % Altgrasanteil (*Phaneroptera falcata* und *Omocestus rufipes*) und BFF mit einem Altgrasanteil zwischen 5 – 10 % (*Platycleis albopunctata* und *Metrioptera bicolor*) bedeutsam. Die genannten Artpräferenzen werden von Baur & Roesti (2006) ähnlich beschrieben. Die gefundenen Präferenzen sind ein deutliches Indiz dafür, dass BFF mit Q2 und genügend Altgras in Wiesen und Weiden essenziell sind, um schützenswerte und seltene Arten zu erhalten. Diese Wichtigkeit konnte bereits wiederholt dargelegt werden (Buri et al., 2013, 2016). Denn durch Altgrasstreifen reduzieren sich die negativen Auswirkungen einer Mahd auf Heuschrecken und anderen Wirbellosen beträchtlich (Jean-Yves Humbert et al., 2012). Zudem finden Heuschrecken im Altgras Schutz vor Feinden und Nahrung (Gardiner & Hassall, 2009).

Die vorliegende Untersuchung zeigt, dass sich die Heuschreckengemeinschaften der vier untersuchten BFF-Typen kaum unterscheiden. Ausserdem werden zwischen extensiv genutzten Wiesen und extensiv genutzten Weiden keine signifikanten Unterschiede in der Heuschreckenvielfalt festgestellt. Dagegen zeigen sich zwischen den Qualitätsstufen (Q1 und Q2) signifikante Unterschiede in der Heuschreckenvielfalt. Dieses Resultat ist bedeutsam, um die floristische Einteilung der Qualitätsstufen zu rechtfertigen. Dennoch besteht durch die teilweise

unbefriedigende ökologische Qualität von BFF Handlungsbedarf. Mit den vorliegenden Resultaten kann die Forderung gestellt werden, dass ein obligatorischer Altgrasstreifen in den wiesenähnlichen BFF einzuführen ist, da dieser nachweislich die Heuschreckenvielfalt erhöht, als auch explizit die UZL- und RL-Arten fördert. Neben den Bewirtschaftungsauflagen sollten zudem der Anteil BFF und der Anteil BFF mit Q2 erhöht werden, um die Artenvielfalt längerfristig zu sichern.

5 Literaturverzeichnis

- Aeschbacher, S., Klaus, G., Dougoud, J., Nöthiger-Koch, U., Urech, G. M., Jenny, M., Aura, F., & Waldhaeusl, B. (2008). *Umweltziele Landwirtschaft. Hergeleitet aus bestehenden rechtlichen Grundlagen* (Nr. 0820; Umwelt-Wissen, S. 223). Bundesamt für Umwelt (BAFU), Bundesamt für Landwirtschaft (BLW).
- Aviron, S., Nitsch, H., Jeanneret, P., Buholzer, S., Luka, H., Pfiffner, L., Pozzi, S., Schüpbach, B., Walter, T., & Herzog, F. (2009). Ecological cross compliance promotes farmland biodiversity in Switzerland. *Frontiers in Ecology and the Environment*, 7(5), 247–252. <https://doi.org/10.1890/070197>
- Barton, K. (2020). *MuMIn: Multi-model inference*. (Bd. 1). <https://CRAN.R-project.org/package=MuMIn>
- Batáry, P., Orci, K. M., Báldi, A., Kleijn, D., Kisbenedek, T., & Erdős, S. (2007). Effects of local and landscape scale and cattle grazing intensity on Orthoptera assemblages of the Hungarian Great Plain. *Basic and Applied Ecology*, 8(3), 280–290. <https://doi.org/10.1016/j.baae.2006.03.012>
- Bates, D., Maechler, M., Bolker, B., & Walker, S. (2015). *Fitting Linear Mixed-Effects Models Using lme4*. *Journal of Statistical Software*, 67(1), 1–48. Doi:10.18637/jss.v067.i01.
- Baur, B. und H., & Roesti, C. und D. (Hrsg.). (2006). *Die Heuschrecken der Schweiz* (1. Aufl). Haupt.
- Birrer, S., Markus, J., & Zbinden, N. (2011). Bestandsentwicklung der einheimischen Brutvögel im Landwirtschaftsgebiet 1990–2009. *Agrarforschung Schweiz*, 2, 66–71.
- Birrer, S., Spiess, M., Herzog, F., Jenny, M., Kohli, L., & Lugin, B. (2007). The Swiss agri-environment scheme promotes farmland birds: But only moderately. *Journal of Ornithology*, 148(2), 295–303. <https://doi.org/10.1007/s10336-007-0237-y>
- BLW. (2019). *Evaluation der Biodiversitätsbeiträge* (S. 202). Bundesamt für Landwirtschaft (BLW). <https://www.agridea.ch/de/themen/umwelt-und-landwirtschaft/biodiversitaet/>

BLW. (2020). *Agrarbericht 2020* (S. 464). Bundesamt für Landwirtschaft (BLW).

<https://www.agrarbericht.ch/de/service/dokumentation/mein-agrarbericht>

Bosshard, A. (2015). Rückgang der Fromentalwiesen und die Auswirkungen auf die Biodiversität.

Agrarforschung Schweiz, 6(1), 20–27.

Bruppacher, L., Pellet, J., Arlettaz, R., & Humbert, J.-Y. (2016). Simple modifications of mowing regime promote butterflies in extensively managed meadows: Evidence from field-scale experiments. *Biological Conservation*, 196, 196–202.

<https://doi.org/10.1016/j.biocon.2016.02.018>

Verordnung über die Direktzahlungen an die Landwirtschaft (Direktzahlungsverordnung, DZV), 910.13 (Stand am 18. August 2020) SR (2013). <https://www.admin.ch/opc/de/classified-compilation/20130216/index.html>

Buri, P., Arlettaz, R., & Humbert, J.-Y. (2013). Delaying mowing and leaving uncut refuges boosts orthopterans in extensively managed meadows: Evidence drawn from field-scale experimentation. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, 181, 22–30.

<https://doi.org/10.1016/j.agee.2013.09.003>

Buri, P., Humbert, J.-Y., Stanska, M., Hajdamowicz, I., Tran, E., Entling, M. H., & Arlettaz, R. (2016). Delayed mowing promotes planthoppers, leafhoppers and spiders in extensively managed meadows. *Insect Conservation and Diversity*, 9(6), 536–545.

<https://doi.org/10.1111/icad.12186>

Burnham, K. P., Anderson, D. R., & Huyvaert, K. P. (2011). AIC model selection and multimodel inference in behavioral ecology: Some background, observations, and comparisons. *Behavioral Ecology and Sociobiology*, 65(1), 23–35. <https://doi.org/10.1007/s00265-010-1029-6>

Cáceres, M. D., & Legendre, P. (2009). Associations between species and groups of sites: Indices and statistical inference. *Ecology*, 90(12), 3566–3574. <https://doi.org/10.1890/08-1823.1>

Chisté, M., Mody, K., Gossner, M., Simons, N., Köhler, G., Weisser, W., & Blüthgen, N. (2016). Losers, winners, and opportunists: How grassland land-use intensity affects orthopteran

communities. *Ecosphere*, 7(11):e01545. 10.1002/ecs2.1545.

<https://doi.org/10.1002/ecs2.1545>

Cizek, O., Zámečník, J., Tropek, R., Kocarek, P., & Konvicka, M. (2012). Diversification of mowing regime increases arthropods diversity in species-poor cultural hay meadows. *Journal of Insect Conservation*, 16, 215–226. <https://doi.org/10.1007/s10841-011-9407-6>

Di Stefano, J. (2004). A confidence interval approach to data analysis. *Forest Ecology and Management*, 187(2), 173–183. [https://doi.org/10.1016/S0378-1127\(03\)00331-1](https://doi.org/10.1016/S0378-1127(03)00331-1)

Dubitzky, W., Wolkenhauer, O., Cho, K.-H., & Yokota, H. (Hrsg.). (2013). Tukey's HSD Test. In *Encyclopedia of Systems Biology* (S. 2303–2303). Springer. https://doi.org/10.1007/978-1-4419-9863-7_101573

Dufrene, M., & Legendre, P. (1997). Species Assemblages and Indicator Species: The Need for a Flexible Asymmetrical Approach. *Ecological monographs*, 67, 345–366. <https://doi.org/10.2307/2963459>

ESRI. (2019). *ArcGIS Pro* (2.4.0) [Computer software]. Esri Inc.

Frey-Gessner, E. (1880). *Die Orthoptern des Kantons Aargau*. <https://doi.org/10.5169/SEALS-170414>

Gardiner, T. (2009). A comparison of three sampling techniques used to estimate population density and assemblage diversity of Orthoptera. *Journal of Orthoptera Research*, 15, 45–51. [https://doi.org/10.1665/1082-6467\(2006\)15\[45:ACOTST\]2.0.CO;2](https://doi.org/10.1665/1082-6467(2006)15[45:ACOTST]2.0.CO;2)

Gardiner, T. (2020). Initial impact of a soil disturbance technique (disc harrowing) on Orthoptera in a grass heath in Breckland, UK. *Journal of Orthoptera Research*, 29, 127–131. <https://doi.org/10.3897/jor.29.51900>

Gardiner, T., & Hassall, M. (2009). Does microclimate affect grasshopper populations after cutting of hay in improved grassland? *Journal of Insect Conservation*, 13(1), 97–102. <https://doi.org/10.1007/s10841-007-9129-y>

- Gardiner, T., Hill, J., & Chesmore, D. (2005). Review of the Methods Frequently Used to Estimate the Abundance of Orthoptera in Grassland Ecosystems. *Journal of Insect Conservation*, 9(3), 151–173. <https://doi.org/10.1007/s10841-005-2854-1>
- Graf, R., Hagist, D., Zellweger-Fischer, J., & Chevillat, V. (2020). Quantität und Qualität naturnaher Lebensräume im Agrargebiet. *Agrarforschung Schweiz*, 11.
- Guntern, J., Lachat, T., Pauli, D., & Fischer, M. (2013). *Flächenbedarf für die Erhaltung der Biodiversität und der Ökosystemleistungen in der Schweiz* (S. 234). Forum Biodiversität Schweiz der Akademie der Naturwissenschaften SCNAT.
- Herzog, F., Klaus, I., Schüpbach, B., & Jeanneret, P. (2010). Effects of Wildflower Strip Quality, Quantity, and Connectivity on Butterfly Diversity in a Swiss Arable Landscape. *Restoration Ecology*, 19, 500–508. <https://doi.org/10.1111/j.1526-100X.2010.00649.x>
- Humbert, Jean-Yves, Buri, P., Unternährer, D., & Arlettaz, R. (2018). Alternative Mähregimes zur Förderung der Artenvielfalt von Wiesen. *Agrarforschung Schweiz*, 8.
- Humbert, Jean-Yves, Ghazoul, J., Richner, N., & Walter, T. (2012). Uncut grass refuges mitigate the impact of mechanical meadow harvesting on orthopterans. *Biological Conservation*, 152, 96–101. <https://doi.org/10.1016/j.biocon.2012.03.015>
- Humbert, J.-Y., Ghazoul, J., Sauter, G., & Walter, T. (2010). Impact of different meadow mowing techniques on field invertebrates. *Journal of Applied Entomology*, 134, 592–599. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0418.2009.01503.x>
- Kiehl, K., Kirmer, A., Donath, T. W., Rasran, L., & Hölzel, N. (2010). Species introduction in restoration projects – Evaluation of different techniques for the establishment of semi-natural grasslands in Central and Northwestern Europe. *Basic and Applied Ecology*, 11(4), 285–299. <https://doi.org/10.1016/j.baae.2009.12.004>
- Knop, E., Kleijn, D., Herzog, F., & Schmid, B. (2006). Effectiveness of the Swiss agri-environment scheme in promoting biodiversity. *Journal of Applied Ecology*, 43(1), 120–127. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2664.2005.01113.x>

- Kruess, A., & Tschardt, T. (2002). Grazing Intensity and the Diversity of Grasshoppers, Butterflies, and Trap-Nesting Bees and Wasps. *Conservation Biology*, 16.
<https://doi.org/10.1046/j.1523-1739.2002.01334.x>
- Kühne, I., Arlettaz, R., Pellet, J., Bruppacher, L., & Humbert, J.-Y. (2015). Leaving an uncut grass refuge promotes butterfly abundance in extensively managed lowland hay meadows in Switzerland. *Conservation Evidence*, 12, 25–27.
- Lachat, T. (Hrsg.). (2010). *Der Wandel der Biodiversität in der Schweiz seit 1900: Ist die Talsohle erreicht?* (1., Aufl). Haupt.
- Marini, L., Bommarco, R., Fontana, P., & Battisti, A. (2010). Disentangling effects of habitat diversity and area on orthopteran species with contrasting mobility. *Biological Conservation*, 143(9), 2164–2171. <https://doi.org/10.1016/j.biocon.2010.05.029>
- Meichtry-Stier, K. S., Jenny, M., Zellweger-Fischer, J., & Birrer, S. (2014). Impact of landscape improvement by agri-environment scheme options on densities of characteristic farmland bird species and brown hare (*Lepus europaeus*). *Agriculture, Ecosystems & Environment*, 189, 101–109. <https://doi.org/10.1016/j.agee.2014.02.038>
- Monnerat, C., Thorens, P., Walter, T., & Gonseth, Y. (2007). *Rote Liste der Heuschrecken der Schweiz*. Bundesamt für Umwelt, Bern.
<https://www.bafu.admin.ch/bafu/de/home/themen/biodiversitaet/publikationen-studien/publikationen/rote-liste-heuschrecken.html>
- R Core Team. (2017). *R: A language and environment for statistical computing*. <https://www.R-project.org/>.
- Roesti, C., & Keist, B. (2009). *Die Stimmen der Heuschrecken: Mit DVD*. Haupt.
- Schirmel, J., Mantilla-Contreras, J., Blindow, I., & Fartmann, T. (2011). Impacts of succession and grass encroachment on heathland Orthoptera. *Journal of Insect Conservation*, 15(5), 633–642. <https://doi.org/10.1007/s10841-010-9362-7>

- Schlegel, J., & Schnetzler, S. (2018). Heuschrecken (Orthoptera) in Biodiversitätsförderflächen der voralpinen Kulturlandschaft Schönenbergs (Schweiz, Kanton Zürich) mit Trends seit 1990. *Alpine Entomology*, 2, 77–100. <https://doi.org/10.3897/alpento.2.26246>
- Schmid, W., Wiedemeier, P., & Stäubli, A. (2001). *Extensive Weiden und Artenvielfalt Synthesebericht* (S. 116). Bundesamt für Umwelt (BAFU). <https://www.poel.ch/publikationen.html>
- Šmilauer, P., & Lepš, J. (2014). *Multivariate analysis of ecological data using Canoco 5* (Second edition). Cambridge University Press.
- Steidl, R. J., & Thomas, L. (2001). Power analysis and experimental design. In Scheiner, S.M., Gurevitch, J. (Eds.), *Design and Analysis of Ecological Experiments* (S. 14–36).
- Torma, A., & Bozsó, M. (2016). Effects of habitat and landscape features on grassland Orthoptera on floodplains in the lower reaches of the Tisza River Basin. *European Journal of Entomology*, 113. <https://doi.org/10.14411/eje.2016.007>
- Wermeille, E., Chittaro, Y., & Gonseth, Y. (2014). *Rote Liste Tagfalter und Widderchen. Gefährdete Arten der Schweiz, Stand 2012*. (Nr. 1403). Bundesamt für Umwelt BAFU, Schweizer Zentrum für die Kartografie der Fauna CSCF.
- Wettstein, W., & Schmid, B. (1999). Conservation of arthropod diversity in montane wetlands: Effect of altitude, habitat quality and habitat fragmentation on butterflies and grasshoppers. *Journal of Applied Ecology*, 36(3), 363–373. <https://doi.org/10.1046/j.1365-2664.1999.00404.x>
- Wilson, J. B., Peet, R. K., Dengler, J., & Pärtel, M. (2012). Plant species richness: The world records. *Journal of Vegetation Science*, 23(4), 796–802. <https://doi.org/10.1111/j.1654-1103.2012.01400.x>
- Zingg, S., Ritschard, E., Arlettaz, R., & Humbert, J.-Y. (2019). Increasing the proportion and quality of land under agri-environment schemes promotes birds and butterflies at the landscape scale. *Biological Conservation*, 231, 39–48. <https://doi.org/10.1016/j.biocon.2018.12.022>

Verzeichnis der Abbildungen

Abbildung 1: Übersicht der Untersuchungsgebiete im Kanton Aargau.	11
Abbildung 2: Übersicht über ein Quartett und deren Untersuchungsflächen. a) Detailausschnitt des Quartetts mit allen vier Untersuchungsflächen. b) Das Quartett mit den Landnutzungstypen Biodiversitätsförderflächen (BFF) und Landwirtschaftliche Nutzfläche ohne BFF (LN ohne BFF) erfasst in einem Radius von 2'000 m um den Mittelpunkt des Quartetts.....	13
Abbildung 3: Transekt der Heuschreckenkartierung innerhalb der Untersuchungsfläche.	14
Abbildung 4: Vergleiche zwischen den Biodiversitätsförderflächen (BFF) extensiv genutzte Wiese (Q1 und Q2) und extensiv genutzte Weide (Q1 und Q2). Dargestellt sind Individuenzahlen pro Minute von der Gesamtartenzahl, Umweltziele Landwirtschaft Arten (UZL-Arten) nach Aeschbacher et al. (2008) und Roten Liste Arten (RL-Arten) nach Monnerat et al. (2007). Für die Signifikanzklassen gelten die Bezeichnungen: *** p-Wert < 0,001, ** p < 0,01, * p < 0,05, ns p > 0.05.....	19
Abbildung 5: Vergleiche zwischen den Biodiversitätsförderflächen (BFF extensiv genutzte Wiese und BFF extensiv genutzte Weide) mit Qualitätsstufe 1 (Q1) und Qualitätsstufe 2 (Q2). Dargestellt sind Artenzahlen als Gesamtartenzahl, Umweltziele Landwirtschaft Arten (UZL-Arten) nach Aeschbacher et al. (2008) und Roten Liste Arten (RL-Arten) nach Monnerat et al. (2007). Für die Signifikanzklassen gelten die Bezeichnungen: *** p-Wert < 0,001, ** p < 0,01, * p < 0,05, ns p > 0.05.....	20
Abbildung 6: Vergleiche zwischen den Biodiversitätsförderflächen (BFF) extensiv genutzte Wiese mit Qualitätsstufe 1 (WIQ1), extensiv genutzte Wiese mit Qualitätsstufe 2 (WIQ2), extensiv genutzte Weide mit Qualitätsstufe 1 (WEQ1) und extensiv genutzte Weide mit Qualitätsstufe 2 (WEQ2). Dargestellt sind Arten- und Individuenzahlen der Kategorie Umweltziele Landwirtschaft Arten (UZL-Arten) nach Aeschbacher et al. (2008). Die Kleinbuchstaben zeigen die Signifikanz zwischen den Stichproben an.	20
Abbildung 7: Ordinationsdiagramm der Redundanzanalysen (RDA), die den Effekt der Biodiversitätsförderflächen extensiv genutzte Wiese mit Qualitätsstufe 1 (WIQ1), extensiv genutzte Wiese mit Qualitätsstufe 2 (WIQ2), extensiv genutzte Weide mit Qualitätsstufe 1 (WEQ1) und extensiv genutzte Weide mit Qualitätsstufe 2 (WEQ2) auf a) die Arten- und b) die Artenzusammensetzung der Heuschrecken zeigt. Die beiden Achsen erklären 12.1 % der Varianz des Datensatzes. Callta = <i>Calliptamus italicus</i> , ChoBig = <i>Chorthippus biguttulus</i> , ChoBru =	

Chorthippus brunneus, ChoDor = *Chorthippus dorsatus*, ChoPar = *Chorthippus parallelus*, ConFus = *Conocephalus fuscus*, EutBra = *Euthystira brachyptera*, GomRuf = *Gomphocerippus rufus*, GryCam = *Gryllus campestris*, LepPun = *Leptophyes punctatissima*, MecPar = *Mecostethus parapleurus*, MetBic = *Metrioptera bicolor*, MetRoe = *Metrioptera roeselii*, OmoRuf = *Omocestus rufipes*, PhaFal = *Phaneroptera falcata*, PlaAlb = *Platycleis albopunctata*, RusNit = *Ruspolia nitidula*, SteLin = *Stenobothrus lineatus*, SteGro = *Stethophyma grossum*, TetSub = *Tetrix subulata*, TetTen = *Tetrix tenuicornis*, TetUnd = *Tetrix undulata*, TetVir = *Tettigonia viridissima*... 22

Abbildung 8: Lineare Regressionen zwischen den Art- und Individuenkategorien und den Habitatparametern. a) Anzahl Arten und maximale Vegetationshöhe, b) Anzahl Umweltziele Landwirtschaft Arten (UZL-Arten) und Altgrasanteil, c) Anzahl Rote Liste Arten (RL-Arten) und Vegetationsbedeckung, d) Totale Individuenzahl und mittlere Vegetationshöhe, e) Anzahl Individuen UZL-Arten und Anteil Biodiversitätsförderfläche (BFF) / Gesamtfläche, f) Anzahl Individuen RL-Arten und Altgrasanteil. Die Regressionslinien wurden für jeden BFF-Typ einzeln abgebildet, wobei extensiv genutzte Wiesen mit Qualitätsstufe 1 (Q1) gelb, extensiv genutzte Wiesen mit Qualitätsstufe 2 (Q2) orange, extensiv genutzte Weiden mit Qualitätsstufe 1 (Q1) hellblau und extensiv genutzte Weiden mit Qualitätsstufe 2 (Q2) blau dargestellt werden. 25

Verzeichnis der Tabellen

Tabelle 1: Beiträge und Anforderungen der Biodiversitätsförderflächen extensiv genutzte Wiese und extensiv genutzte Weide mit Qualitätsstufe 1 (Q1) und Qualitätsstufe 2 (Q2) gemäss Direktzahlungsverordnung (Verordnung über die Direktzahlungen an die Landwirtschaft (Direktzahlungsverordnung, DZV), 2013).....	9
Tabelle 2: Kriterien zur Auswahl der Biodiversitätsförderflächen (BFF) mit den darin integrierten Untersuchungsflächen.	12
Tabelle 3: Für die Heuschreckenkartierung verwendeten Materialien.	15
Tabelle 4: Liste der nachgewiesenen Arten, unterteilt in extensiv genutzte Wiesen und extensiv genutzte Weiden mit Qualitätsstatus 1 (Q1) und Qualitätsstatus 2 (Q2). Arten der Umweltziele Landwirtschaft (UZL-Arten) nach Aeschbacher et al. (2008), Gefährdungsstatus nach der Roten Liste der Schweiz (Monnerat et al., 2007): LC = nicht gefährdet, NT = potenziell gefährdet, VU = verletzlich.....	18
Tabelle 5: Resultate der Indikatoranalyse für die Bewirtschaftungsmerkmale extensiv genutzte Wiese mit Qualitätsstufe 1 (WIQ1), extensiv genutzte Wiese mit Qualitätsstufe 2 (WIQ2), extensiv genutzte Weide mit Qualitätsstufe 1 (WEQ1), extensiv genutzte Weide mit Qualitätsstufe 2 (WEQ2), Altgrasanteil > 10 % und Altgrasanteil 5 – 10 %. Für die Signifikanzklassen gelten die Bezeichnungen: *** p-Wert < 0,001, ** p < 0,01, * p < 0,05.....	21
Tabelle 6: Zusammenfassende Ausgabe der gemittelten Endmodelle zur Vorhersage der Arten- und Individuenzahlen von der Gesamtartenzahl (Total), Umweltziele Landwirtschaft Arten (UZL-Arten) nach Aeschbacher et al. (2008) und Roten Liste Arten (RL-Arten) nach Monnerat et al. (2007). Dargestellt sind Parameterschätzungen (Est.), Standardfehler (SE) und Signifikanz (Sig.) (***) p-Wert < 0,001, ** p < 0,01, * p < 0,05).....	24

Anhang

Anhang 1: Koordinaten der Untersuchungsflächen	41
Anhang 2: Erhobene Habitatparameter	42
Anhang 3: Erhebungsbogen Heuschreckenkartierung	44
Anhang 4: Feldblätter Heuschreckenkartierung	45
Anhang 5: Vergleiche der Qualitätsstufen und der Nutzungstypen.....	61
Anhang 6: Die p-Werte der ANOVA und des TukeyHSD-Tests.....	62
Anhang 7: Vergleiche zwischen allen untersuchten Biodiversitätsförderflächen	63
Anhang 8: Regressionen der gemittelten Endmodelle (glmer).....	64
Anhang 9: R-Skript.....	69
Anhang 10: Aufgabenstellung	102
Anhang 11: Poster	105

Anhang 1: Koordinaten der Untersuchungsflächen

Tabelle 1: Die exakten Koordinaten der Untersuchungsflächen.

Untersuchungs- gebiet ID	Koordinaten			
	Extensiv genutzte Wiesen		Extensiv genutzte Weiden	
	Qualitätsstufe 1	Qualitätsstufe 2	Qualitätsstufe 1	Qualitätsstufe 2
AH03	2641650 / 1262020	2641840 / 1261960	2642183 / 1261929	2641220 / 1262070
AH06	2649260 / 1261169	2649220 / 1261460	2649050 / 1261380	2649070 / 1261450
AH08	2651900 / 1266720	2651790 / 1267090	2651450 / 1266680	2651760 / 1266750
AH09	2654220 / 1263090	2654260 / 1262600	2654790 / 1262610	2653900 / 1262690
AH10	2663140 / 1268705	2662690 / 1269230	2662646 / 1269010	2662550 / 1268830
AH15	2665385 / 1251380	2666070 / 1252085	2665600 / 1251210	2665830 / 1252170
AH18	2649910 / 1240700	2649960 / 1241100	2650410 / 1241440	2650210 / 1241448
AH24	2649390 / 1255450	2649834 / 1255390	2650240 / 1255430	2649830 / 1254980

Anhang 2: Erhobene Habitatparameter

Tabelle 2: Alle erhobenen Habitatparameter. Die Abkürzungen bedeuten folgendes: Q1: Qualitätsstufen, Q2 Qualitätsstufe 2, DZV: Direktzahlungsverordnung, GIS: Geoinformationssystem, BFF: Biodiversitätsförderflächen, LN: Landwirtschaftliche Nutzfläche.

Nr.	Abkürzung	Bezeichnung	Beschrieb
1	bff.cat.	Qualitätsstufe (gemäss DZV)	Q1=0 und Q2=1
2	nutz.cat.	Nutzungskategorie (gemäss DZV)	Wiese=0 und Weide=1
3	cat.nutz.bff.	Nutzungskategorie inkl. Qualitätsstufe	
4	dauer	Kartierungszeit (min)	
5	temp.	Temperatur (°C)	
6	bew.	Bewölkung (%)	In Achteln angegeben
7	ausr.	Ausrichtung (°)	Mit GIS erhoben
8	neig.	Neigung (°)	Mit GIS erhoben
9	wind	Wind (Bf)	In Beaufort angegeben
10	anz.nutz.	Anzahl Nutzungen	Anzahl Nutzungen im Jahr 2020 (Wiese: 1 Schnitt = 1 Nutzung; Weide: 1 Beweidung = 1 Nutzung)
11	landn.	Landnutzung	0 = 2020 noch keine Nutzung, 1 = in 2020 mindestens eine Nutzung (Schnitt oder Beweidung)
12	altgr.	Altgrasstreifen Kategorien	Berechnet durch cov.streu: 0 = kein Altgrasstreifen vorhanden / Altgrasanteil < 0.1 %; 0.5 = Während einer Erhebung Altgrasstreifen vorhanden, bei der anderen Erhebung kein Altgrasstreifen vorhanden; 1 = Altgrasstreifen vorhanden / Altgrasanteil > 0.1 %
13	veg.h.mean	Vegetationshöhe Durchschnitt (cm)	5 Messungen pro Begehung = Total 10 Messungen pro Fläche
14	veg.h.min	Vegetationshöhe Minimum (cm)	Tiefster Wert der 10 Messungen
15	veg.h.max	Vegetationshöhe Maximum (cm)	Höchster Wert der 10 Messungen
16	veg.h.dif.	Differenz Vegetationshöhe (cm)	Veg.h.dif. = veg.h.max – veg.h.min
17	cov.veg.tot.	Bedeckung Vegetation total (%)	Cov.veg.tot = cov.baum + cov.geb. + cov.ww.
18	cov.baum	Bedeckung Bäume (%)	
19	cov.geb.	Bedeckung Gebüsch (%)	
20	cov.ww.	Bedeckung Wiese / Weide (%)	
21	cov.streu	Altgrasanteil (%)	Wird bei cov.veg.tot abgezogen
22	cov.toth.	Bedeckung Totholz (%)	Wird bei cov.veg.tot abgezogen

23	cov.stein	Bedeckung Stein (%)	> 63 mm, wird bei cov.veg.tot abgezogen
24	cov.kies	Bedeckung Kies (%)	2 - 63 mm, wird bei cov.veg.tot abgezogen
25	cov.f.bod.	Bedeckung feiner Boden (%)	< 2 mm, wird bei cov.veg.tot abgezogen
26	ant.bff.ln.untg.	Anteil BFF / LN (%)	2000 m Radius, ab Mittelpunkt Quartett
27	ant.bff.gf.untg.	Anteil BFF / Gesamtflaeche (%)	2000 m Radius, ab Mittelpunkt Quartett
28	ant.ln.gf.untg.	Anteil LN (ohne BFF) / Gesamtflaeche (%)	2000 m Radius, ab Mittelpunkt Quartett
29	ant.wald.gf.untg.	Anteil Wald / Gesamtflaeche (%)	2000 m Radius, ab Mittelpunkt Quartett
30	ant.gew.gf.untg.	Anteil Gewaesser / Gesamtflaeche (%)	2000 m Radius, ab Mittelpunkt Quartett
31	ant.bauz.gf.untg.	Anteil Bauzone / Gesamtflaeche (%)	2000 m Radius, ab Mittelpunkt Quartett
32	ant.geb.gf.untg.	Anteil Gebaeude / Gesamtflaeche (%)	2000 m Radius, ab Mittelpunkt Quartett
33	ant.str.gf.untg.	Anteil Strassen / Gesamtflaeche (%)	2000 m Radius, ab Mittelpunkt Quartett
34	ant.eis.gf.untg.	Anteil Eisenbahn / Gesamtflaeche (%)	2000 m Radius, ab Mittelpunkt Quartett
35	ant.dep.gf.untg.	Anteil Deponien / Gesamtflaeche (%)	2000 m Radius, ab Mittelpunkt Quartett

Feldprotokoll Heuschreckenerhebung Begehung 1/2

Untersuchungsgebiet: **Datum:** **Bewölkung:**
Ausrichtung: **Neigung:** **Bf (<3):**
Landnutzung:
Vegetationstyp:
Veg. Höhe: cm

Schichten	Bedeckung (%)			
Vegetation total				
Bäume (>5 m)				
Gebüsch (>0.5–5 m)				
Wiese / Weide				

Andere Schichten	Bedeckung (%)			
Streu				
Totholz				
Stein / Fels (> 63 mm)				
Kies (2–63 mm)				
Feiner Boden (< 2 mm)				

No.	Taxon	Weide Q1	Weide Q2	Wiese Q1	Wiese Q2
	Startzeit / Endzeit	/	/	/	/
1	Calliptamus italicus				
2	Chorthippus dorsatus				
3	Chorthippus biguttulus				
4	Chorthippus brunneus				
5	Chorthippus parallelus				
6	Chrysochraon dispar				
7	Conocephalus fuscus				
8	Decticus verrucivorus				
9	Euthystira brachyptera				
10	Gomphocerippus rufus				
11	Gryllotalpa gryllotalpa				
12	Gryllus campestris				
13	Leptophyes punctatissima				
14	Meconema meridionale				
15	Meconema thalassinum				
16	Mecostethus parapleurus				
17	Metrioptera bicolor				
18	Metrioptera roeselii				
19	Nemobius sylvestris				
20	Oecanthus pellucens				
21	Oedipoda caerulea				
22	Omocestus rufipes				
23	Omocestus viridulus				
24	Phaneroptera falcata				
25	Phaneroptera nana				
26	Pholidoptera griseoptera				
27	Platycleis albopunctata				
28	Pteronemobius heydenii				
29	Ruspolia nitidula				
30	Sphingonotus caeruleus				
31	Stenobothrus lineatus				
32	Stethophyma grossum				
33	Tetrix bipunctata				
34	Tetrix subulata				
35	Tetrix tenuicornis				
36	Tetrix undulata				
37	Tettigonia viridissima				
38					
39					

Abbildung 1: Erhebungsbogen Heuschreckenkartierung.

Anhang 4: Feldblätter Heuschreckenkartierung

Feldprotokoll Heuschreckenerhebung Begehung 1/2

Datum: 06.08.2020

Untersuchungsgebiet: AH03 Temperatur: 24° 24° 23° 23°

Bewölkung: 98 98 98 0/8

Ausrichtung: / / / / /

Neigung: /

Bf (<3): 1 2 1 1

Landnutzung: bereits bewirtschaftet / wird beweidet / 1 Schnitt erfolgt / 1 Schnitt erfolgt / 1. AGS

Vegetationstyp: /

Veg. Höhe: 3 / 6 / 5 / 9 / 2 / 4 / 6 / 17 / 12 / 3 / 5 / 9 / 8 / 6 / 8 / 7 / 12 / 16 / 9 / 6 cm

Schichten	Bedeckung (%)				Andere Schichten	Bedeckung (%)			
Vegetation total	88	87	97	96	Streu	0	4	1	1
Bäume (>5 m)	0	0	0	0	Totholz	0	0	0	0
Gebüsch (>0.5-5 m)	0	0	0	0	Stein / Fels (> 63 mm)	0	0	0	0
Wiese / Weide	88	87	97	96	Kies (2-63 mm)	0	0	0	1
					Feiner Boden (< 2 mm)	12	9	2	2

No.	Taxon	Weide Q1	Weide Q2	Wiese Q1	Wiese Q2
	Startzeit / Endzeit	11:21 / 11:34	10:03 / 10:24	10:35 / 10:43	10:58 / 11:11
1	Calliptamus italicus				
2	Chorthippus albomarginatus	K	K	K	K
3	Chorthippus biguttulus (x5)	K	K	K	K
4	Chorthippus brunneus				
5	Chorthippus parallelus	K	G	K	K
6	Chrysochaon dispar				
7	Conocephalus fuscus				
8	Decticus verrucivorus				
9	Euthystira brachyptera				
10	Gomphocerippus rufus				
11	Gryllotalpa gryllotalpa				
12	Gryllus campestris				
13	Leptophyes punctatissima		S		
14	Meconema meridionale		(Umgebung)		
15	Meconema thalassinum				
16	Mecostethus parapleurus				
17	Metrioptera bicolor				
18	Metrioptera roeselii		G (Umgebung)		G
19	Nemobius sylvestris				
20	Oecanthus pellucens				
21	Oedipoda caerulea				
22	Omocestus rufipes				
23	Omocestus viridulus				
24	Phaneroptera falcata		S		
25	Phaneroptera nana				
26	Pholidoptera griseoaptera				
27	Platycleis albopunctata	(Umgebung)	K		
28	Pteronemobius heydenii				
29	Ruspolia nitidula				
30	Sphingonotus caeruleus				
31	Stenobothrus lineatus				
32	Stethophyma grossum				
33	Tetrix bipunctata				
34	Tetrix subulata				
35	Tetrix tenuicornis	S			
36	Tetrix undulata				
37	Tettigonia viridissima			(Umgebung)	G
38					
39					

Abbildung 2: Feldblatt der ersten Begehung aus dem Untersuchungsgebiet AH03.

Feldprotokoll Heuschreckenerhebung Begehung 2/2

Datum: 26.08.2020

Untersuchungsgebiet: AH 03 Temperatur: 25 / 29 / 24 / 25

Bewölkung: $2/8$ / $1/8$ / $1/8$

Ausrichtung:/...../...../..... Neigung:

Neigung:

Bf (<3): 2 / 2 / 2 / 2

Landnutzung: nicht mehr bewirtschaftet, nicht mehr bewaldet worden, daher kein Nutzung mehr, keine Nutzung mehr

Nutzung mehr

Vegetationstyp:

Veg. Höhe: 5 / 8 / 7 / 13 / 4 / 3 / 6 / 15 / 31 / 7 / 11 / 16 / 20 / 18 / 15 / 10 / 9 / 15 / 16 / 13 cm

Schichten	Bedeckung (%)			
Vegetation total	86	84	88	85
Bäume (>5 m)	0	0	0	0
Gebüsch (>0.5–5 m)	1	1	0	0
Wiese / Weide	85	83	88	85

Andere Schichten	Bedeckung (%)			
Streu	1	10	0	0
Totholz	0	0	0	0
Stein / Fels (> 63 mm)	0	0	0	1
Kies (2–63 mm)	1	0	0	0
Feiner Boden (< 2 mm)	72	6	2	4

No.	Taxon	Weide Q1 14	Weide Q2 14	Wiese Q1 12	Wiese Q2 12
	Startzeit / Endzeit	13:31 / 13:45	15:00 / 15:12	14:35 / 14:47	14:04 / 14:16
1	Calliptamus italicus				
2	Chorthippus albomarginatus ^{dorsalis}	I	K IIII IIII	K IIII II	K IIII
3	Chorthippus biguttulus (x5)	III	K III	K I	K III
4	Chorthippus brunneus	I	G		
5	Chorthippus parallelus				(Umgebung)
6	Chrysochaon dispar				
7	Conocephalus fuscus				
8	Decticus verrucivorus				
9	Euthystira brachyptera				
10	Gomphocerippus rufus				
11	Gryllotalpa gryllotalpa				
12	Gryllus campestris				
13	Leptophyes punctatissima				
14	Meconema meridionale				
15	Meconema thalassinum				
16	Mecostethus parapleurus				
17	Metrioptera bicolor		I	K	
18	Metrioptera roeselii		I	K I	G I
19	Nemobius sylvestris				
20	Oecanthus pellucens				
21	Oedipoda caerulea				
22	Omocestus rufipes				
23	Omocestus viridulus				
24	Phaneroptera falcata				
25	Phaneroptera nana				
26	Pholidoptera griseoaptera				
27	Platycleis albopunctata	I	G II	K (Umgebung)	(Umgebung)
28	Pteronemobius heydenii				
29	Ruspolia nitidula				
30	Sphingonotus caeruleus				
31	Stenobothrus lineatus				
32	Stethophyma grossum				
33	Tetrix bipunctata				
34	Tetrix subulata				
35	Tetrix tenuicornis				
36	Tetrix undulata				
37	Tettigonia viridissima				
38	Tetrix sp. (Nympha)	I	S		
39					

Abbildung 3: Feldblatt der zweiten Begehung aus dem Untersuchungsgebiet AH03.

Feldprotokoll Heuschreckenerhebung Begehung 1/2

Datum: 06.08.2020

Untersuchungsgebiet: AH06 Temperatur: 26° / 26° / 26° / 25°

Bewölkung: 1/10 1/10 1/10 1/10

Ausrichtung: Ausrichtung: * Ausrichtung: * Ausrichtung: *

Neigung: 1. Schicht erfolgt

Bf (<3): 1. Schicht erfolgt

Landnutzung: Bemooste Weide *

Vegetationstyp: 1. Schicht erfolgt

Veg. Höhe: 20. 34. 19. 12. 22. 6. 1. 26. 14. 15. 16. 1. 2. 14. 15. 3. 16. 27. 9. 1. 13. 26. 29. cm

Schichten	Bedeckung (%)			
Vegetation total	92.85	63.27	96.70	71.67
Bäume (>5 m)	0	0	0	0
Gebüsch (>0.5-5 m)	3	0	0	0
Wiese / Weide	99.82	63.27	96.70	71.67

* vergangen

Andere Schichten	Bedeckung (%)			
Streu	8	22	1	25
Totholz	1	6	0	0
Stein / Fels (> 63 mm)	0	0	0	0
Kies (2-63 mm)	0	1	0	0
Feiner Boden (< 2 mm)	6	8	3	4

No.	Taxon	Weide Q1	Weide Q2	Wiese Q1	Wiese Q2
	Startzeit / Endzeit	15:33 / 15:47	15:01 / 15:20	13:57 / 14:11	14:25 / 14:40
1	Calliptamus italicus				(Umgebung)
2	Chorthippus albomarginatus				
3	Chorthippus biguttulus (x5)				
4	Chorthippus brunneus				
5	Chorthippus parallelus				
6	Chrysocraon dispar				
7	Conocephalus fuscus				
8	Decticus verrucivorus				
9	Euthystira brachyptera				
10	Gomphocerippus rufus				
11	Gryllotalpa gryllotalpa				
12	Gryllus campestris				
13	Leptophyes punctatissima				
14	Meconema meridionale				
15	Meconema thalassinum				
16	Mecostethus parapleurus				
17	Metrioptera bicolor				
18	Metrioptera roeselii				
19	Nemobius sylvestris				
20	Oecanthus pellucens				
21	Oedipoda caerulea				
22	Omocestus rufipes				
23	Omocestus viridulus				
24	Phaneroptera falcata				
25	Phaneroptera nana				
26	Pholidoptera griseoaptera				
27	Platycleis albopunctata				
28	Pteronemobius heydenii				
29	Ruspolia nitidula				
30	Sphingonotus caeruleus				
31	Stenobothrus lineatus				
32	Stethophyma grossum				
33	Tetrix bipunctata				
34	Tetrix subulata				
35	Tetrix tenuicornis				
36	Tetrix undulata				
37	Tettigonia viridissima				
38					
39					

Abbildung 4: Feldblatt der ersten Begehung aus dem Untersuchungsgebiet AH06.

✓ 000
000

Feldprotokoll Heuschreckenerhebung Begehung 2/2 Datum: 26.08.2020

Untersuchungsgebiet: AH06 Temperatur: 22.23 / 24.24 Bewölkung: 1/8 / 1/8 / 1/8 / 1/8

Ausrichtung: Neigung: Bf (<3): 2 / 2 / 2 / 2

Landnutzung: sekundär, nicht mehr bewaldet, 1 mal bewaldet wurde, nicht mehr geschitten wurde, nicht mehr geschitten werden

Vegetationstyp: WBA

Veg. Höhe: 14 / 16 / 21 / 22 / 18 / 15 / 4 / 1 / 8 / 6 / 24 / 24 / 28 / 22 / 18 / 21 / 8 / 21 / 25 / 9 / 19 cm

Schichten	Bedeckung (%)			
Vegetation total	87	87	93	90
Bäume (>5 m)	0	0	0	0
Gebüsch (>0.5-5 m)	1	0	0	0
Wiese / Weide	86	86	93	90

an 25 Schläge x 6

Andere Schichten	Bedeckung (%)			
Streu	3	7	0	85
Totholz	1	0	0	0
Stein / Fels (> 63 mm)	0	0	0	0
Kies (2-63 mm)	1	0	0	0
Feiner Boden (< 2 mm)	8	12	7	5

w102

No.	Taxon	Weide Q1 18	Weide Q2 19	Wiese Q1 15	Wiese Q2 12
	Startzeit / Endzeit	10:23 / 10:41	10:59 / 11:19	11:33 / 11:49	12:06 / 12:18
1	Calliptamus italicus				
2	Chorthippus albomarginatus		/	K (Umgebung)	/
3	Chorthippus biguttulus (x5)	I'	K	K	K
4	Chorthippus brunneus	/	K	/	K
5	Chorthippus parallelus				/ K
6	Chrysochraon dispar				
7	Conocephalus fuscus				
8	Decticus verrucivorus				
9	Euthystira brachyptera				
10	Gomphocerippus rufus	/	K II	S	
11	Gryllotalpa gryllotalpa				
12	Gryllus campestris		I	S I	J
13	Leptophyes punctatissima				
14	Meconema meridionale				
15	Meconema thalassinum				
16	Mecostethus parapleurus				
17	Metrioptera bicolor	I	II	K III II	K
18	Metrioptera roeselii				
19	Nemobius sylvestris				
20	Oecanthus pellucens				
21	Oedipoda caerulea				
22	Omocestus rufipes				
23	Omocestus viridulus				
24	Phaneroptera falcata		I	S	
25	Phaneroptera nana				
26	Pholidoptera griseoaptera				
27	Platypleura albopunctata	/	K III	K III	K
28	Pteronemobius heydenii				
29	Ruspolia nitidula				
30	Sphingonotus caeruleus				
31	Stenobothrus lineatus				
32	Stethophyma grossum				
33	Tetrix bipunctata				
34	Tetrix subulata				
35	Tetrix tenuicornis		(Umgebung)		
36	Tetrix undulata				
37	Tettigonia viridissima				
38	Tetrix sp. (Nymphal)	I	S III	J	
39					

000
000

10

Abbildung 5: Feldblatt der zweiten Begehung aus dem Untersuchungsgebiet AH06.

Feldprotokoll Heuschreckenerhebung Begehung 1/2

Datum: 10.08.2020

Untersuchungsgebiet: AH08 Temperatur: 22° 26° 26° 28°

Bewölkung: 7/8 1/8 1/8 1/8

Ausrichtung: / Neigung: /

Bf (<3): 0 1 1 0 AGS 1. Schnitt erfolgt AGS

Landnutzung: nach nicht beweidet bereits beweidet wurde 1 Schnitt erfolgt

Vegetationstyp: /

Veg. Höhe: 40, 36, 52, 34, 38, 32, 46, 20, 14, 21, 12, 18, 15, 16, 34, 19, 26, 35, 12, 16 cm

Schichten	Bedeckung (%)			
Vegetation total	56	17	38	84
Bäume (>5 m)	0	0	0	0
Gebüsch (>0.5-5 m)	0	0	0	0
Wiese / Weide	56	67	78	84

Andere Schichten	Bedeckung (%)			
Streu	42	29	18	14
Totholz	0	0	0	0
Stein / Fels (> 63 mm)	0	0	0	0
Kies (2-63 mm)	0	1	0	0
Feiner Boden (< 2 mm)	2	3	64	2

No.	Taxon	Weide Q1	Weide Q2	Wiese Q1	Wiese Q2
	Startzeit / Endzeit	11:14 / 11:31	10:38 / 11:00	10:12 / 10:28	12:06 / 12:27
1	Calliptamus italicus		I	S	
2	Chorthippus albomarginatus	IIIIIIIIII	K IIIIIIIIII	IIIIIIIIII	IIIIIIIIII
3	Chorthippus biguttulus	IIII	K IIII	K IIII	K IIII
4	Chorthippus brunneus				(Umgebung)
5	Chorthippus parallelus	IIII	K I	K IIII	K IIIIIIIIII
6	Chrysocraon dispar				
7	Conocephalus fuscus				
8	Decticus verrucivorus				
9	Euthystira brachyptera				
10	Gomphocerippus rufus				
11	Gryllotalpa gryllotalpa				
12	Gryllus campestris				
13	Leptophyes punctatissima				
14	Meconema meridionale				
15	Meconema thalassinum				
16	Mecostethus parapleurus		II	S III	S IIII
17	Metriopectera bicolor	I	G I	K I	K IIII
18	Metriopectera roeselii	IIIIIIIIII	K	I	IIII G
19	Nemobius sylvestris				
20	Oecanthus pellucens				
21	Oedipoda caerulea				
22	Omocestus rufipes	IIII	K II	S	
23	Omocestus viridulus				
24	Phaneroptera falcata	IIII	S IIII	S IIII	IIII S
25	Phaneroptera nana				
26	Pholidoptera griseoaptera				
27	Platycleis albopunctata	IIIIIIIIII	K IIIIIIIIII	K IIII	K
28	Pteronemobius heydenii				
29	Ruspolia nitidula				
30	Sphingonotus caeruleus				
31	Stenobothrus lineatus				
32	Stethophyma grossum				
33	Tetrix bipunctata				
34	Tetrix subulata				
35	Tetrix tenuicornis				
36	Tetrix undulata				
37	Tettigonia viridissima	II	K		
38					
39					

Abbildung 6: Feldblatt der ersten Begehung aus dem Untersuchungsgebiet AH08.

Feldprotokoll Heuschreckenerhebung Begehung 2/2

Datum: 04.05.2020

Untersuchungsgebiet: AH 08 Temperatur: 25 / 25 / 26 / 24

Bewölkung: $\frac{0}{8}$ / $\frac{0}{8}$ / $\frac{0}{8}$ / $\frac{0}{8}$

Ausrichtung:/...../...../..... Neigung:/...../...../.....

Bf (<3): 1 / 1 / 1 / 1

Landnutzung: keine Nutzung / keine Nutzung mehr / keine

keine Notung mehr

Vegetationstyp: 1

1

Veg. Höhe: 44 / 50 / ~~57~~ 61 / 48 / 74 / 25 / 16 / 7 / 9 / 10 / 9 / 8 / 78 / 8 / 9 / 12 / 24 / 8 cm

Schichten	Bedeckung (%)			
Vegetation total	37	81	33	84
Bäume (>5 m)	0	0	0	0
Gebüsch (>0.5–5 m)	0	0	0	0
Wiese / Weide	37	81	33	84

Andere Schichten	Bedeckung (%)			
Streu	60	10	4	12
Totholz	0	0	0	0
Stein / Fels (> 63 mm)	0	0	0	0
Kies (2-63 mm)	0	1	0	0
Feiner Boden (< 2 mm)	14	8	3	4

No.	Taxon	Weide Q1 12	Weide Q2 12	Wiese Q1 10	Wiese Q2 11
	Startzeit / Endzeit	14:45 14:57	15:09 15:21	15:34 15:48	14:09 14:20
1	Calliptamus italicus <i>dorsatus</i>				
2	Chorthippus albomarginatus	III	K III III III	K III III	K III III
3	Chorthippus biguttulus (x5)	III	K III	K III	K III
4	Chorthippus brunneus	(Umgebung)			
5	Chorthippus parallelus				III
6	Chrysochaon dispar				
7	Conocephalus fuscus				
8	Decticus verrucivorus				
9	Euthystira brachyptera				
10	Gomphocerippus rufus				
11	Gryllotalpa gryllotalpa				
12	Gryllus campestris	(Umgebung)			
13	Leptophyes punctatissima				
14	Meconema meridionale				
15	Meconema thalassinum				
16	Mecostethus parapleurus	I	S	I	S I
17	Metrioptera bicolor		I	G	
18	Metrioptera roeselii	(Umgebung)			
19	Nemobius sylvestris				
20	Oecanthus pellucens				
21	Oedipoda caerulea				
22	Omocestus rufipes		I	K	
23	Omocestus viridulus				
24	Phaneroptera falcata	I	S II	S	
25	Phaneroptera nana				
26	Pholidoptera griseoaptera				
27	Platycleis albopunctata	III	B III III III	K III	K
28	Pteronemobius heydenii				
29	Ruspolia nitidula	I	S		
30	Sphingonotus caeruleus				
31	Stenobothrus lineatus				
32	Stethophyma grossum				
33	Tetrix bipunctata				
34	Tetrix subulata				
35	Tetrix tenuicornis		I	S	
36	Tetrix undulata				
37	Tettigonia viridissima	(Umgebung)	(Umgebung)		
38					
39					

11

Abbildung 7: Feldblatt der zweiten Begehung aus dem Untersuchungsgebiet AH08.

Feldprotokoll Heuschreckenerhebung Begehung 1/2

Datum: 10.08.2020

Untersuchungsgebiet: AH09 Temperatur: 29° 30° 28° 30°

Bewölkung: 0/8 9/8 8/8 9/8

Ausrichtung: / / / / /

Neigung: / / / / /

Bf (<3): 1 1 1 1

Landnutzung: beweidet + gemäht beweidet + gemäht 1. Schnitt erfolgt 1. Schnitt erfolgt AGS

Vegetationstyp: / / / / /

Veg. Höhe: 8. 9. 5. 4. 5. 5. 16. 6. 19. 12. 9. 11. 25. 21. 19. 12. 16. 9. 32. 14 cm

Schichten	Bedeckung (%)			
Vegetation total	98	83	96	86
Bäume (>5 m)	0	0	0	0
Gebüsch (>0.5-5 m)	0	0	0	0
Wiese / Weide	98	83	96	86

Andere Schichten	Bedeckung (%)			
Streu	1	13	1	11
Totholz	0	0	0	0
Stein / Fels (> 63 mm)	0	0	0	0
Kies (2-63 mm)	0	0	0	0
Feiner Boden (< 2 mm)	6	4	3	3

No.	Taxon	Weide Q1	Weide Q2	Wiese Q1	Wiese Q2
	Startzeit / Endzeit	13:44 / 13:57	15:08 / 15:17	14:11 / 14:25	14:41 / 14:55
1	Calliptamus italicus	III	S		
2	Chorthippus albomarginatus	(Umgebung)	III	K III	K
3	Chorthippus biguttulus	(5)	K III	K III	K
4	Chorthippus brunneus				
5	Chorthippus parallelus				
6	Chrysocraon dispar				
7	Conocephalus fuscus				
8	Decticus verrucivorus				
9	Euthystira brachyptera				
10	Gomphocerippus rufus			I	
11	Gryllotalpa gryllotalpa				
12	Gryllus campestris				
13	Leptophyes punctatissima				
14	Meconema meridionale				
15	Meconema thalassinum				
16	Mecostethus parapleurus			II	S I
17	Metrioptera bicolor	III			II
18	Metrioptera roeselii			III	6
19	Nemobius sylvestris				
20	Oecanthus pellucens				
21	Oedipoda caerulea				
22	Omocestus rufipes				
23	Omocestus viridulus				
24	Phaneroptera falcata				III
25	Phaneroptera nana				
26	Pholidoptera griseoaptera				
27	Platycleis albopunctata	III	K III	K (Umgebung)	III
28	Pteronemobius heydenii				
29	Ruspolia nitidula				
30	Sphingonotus caeruleus				
31	Stenobothrus lineatus	III	K II	I	G III
32	Stethophyma grossum				
33	Tetrix bipunctata				
34	Tetrix subulata				
35	Tetrix tenuicornis				
36	Tetrix undulata				
37	Tettigonia viridissima				
38					
39					

Abbildung 8: Feldblatt der ersten Begehung aus dem Untersuchungsgebiet AH09.

Feldprotokoll Heuschreckenerhebung Begehung 2/2

Datum: 04.09.2020

Untersuchungsgebiet: AH09 Temperatur: 22.29.21.21

Bewölkung: 98.98.98.98

Ausrichtung: Ausrichtung: Neigung: 2. Schnitt

Bf (<3): 1.1.1.2

Landnutzung: keine Nutzung mehr wird bewirtschaftet

23. Schnitt erfolgt

Vegetationstyp: 1.1.1.2

Veg. Höhe: 4.6.5.9.5.9.17.24.7.4.6.7.8.7.9.7.8.11.10.7 cm

Schichten	Bedeckung (%)			
Vegetation total	88	83	90	85
Bäume (>5 m)	0	0	0	0
Gebüsch (>0.5-5 m)	0	1	0	0
Wiese / Weide	88	82	90	85

Andere Schichten	Bedeckung (%)			
Streu	1	11	3	10
Totholz	0	0	0	0
Stein / Fels (> 63 mm)	0	0	0	0
Kies (2-63 mm)	1	0	0	0
Feiner Boden (< 2 mm)	10	6	7	5

No.	Taxon	Weide Q1 14	Weide Q2 15	Wiese Q1 37	Wiese Q2 12
	Startzeit / Endzeit	12:56 / 13:40	11:36 / 11:51	12:33 / 12:49	12:09 / 12:21
1	Calliptamus italicus				
2	Chorthippus albomarginatus				
3	Chorthippus biguttulus				
4	Chorthippus brunneus				
5	Chorthippus parallelus				
6	Chrysocraon dispar				
7	Conocephalus fuscus				
8	Decticus verrucivorus				
9	Euthystira brachyptera				
10	Gomphocerippus rufus				
11	Gryllotalpa gryllotalpa				
12	Gryllus campestris				
13	Leptophyes punctatissima				
14	Meconema meridionale				
15	Meconema thalassinum				
16	Mecostethus parapleurus				
17	Metrioptera bicolor				
18	Metrioptera roeselii				
19	Nemobius sylvestris				
20	Oecanthus pellucens				
21	Oedipoda caerulea				
22	Omocestus rufipes				
23	Omocestus viridulus				
24	Phaneroptera falcata				
25	Phaneroptera nana				
26	Pholidoptera griseoaptera				
27	Platycleis albopunctata				
28	Pteronemobius heydenii				
29	Ruspolia nitidula				
30	Sphingonotus caeruleus				
31	Stenobothrus lineatus				
32	Stethophyma grossum				
33	Tetrix bipunctata				
34	Tetrix subulata				
35	Tetrix tenuicornis				
36	Tetrix undulata				
37	Tettigonia viridissima				
38					
39					

Abbildung 9: Feldblatt der zweiten Begehung aus dem Untersuchungsgebiet AH09.

Feldprotokoll Heuschreckenerhebung Begehung 1/2

Datum: 05.08.2020

Untersuchungsgebiet: AH 10 Temperatur: 20° / 20° / 22° / 24°

Bewölkung: $\frac{9}{8}$ / $\frac{0}{8}$ / $\frac{0}{8}$ / $\frac{0}{8}$

Ausrichtung:/...../...../..... Neigung:

Neigung:

Bf (<3):

Landnutzung: beimts beweidet

.../ benutzt beweicht

.....

Vegetationstyp:

Veg. Höhe: 37/26/23/19/27/5/41/22/9/26/12/60/32/19/20/11/9/15/77/21 cm

Schichten	Bedeckung (%)			
Vegetation total	98	94	93	95
Bäume (>5 m)	0	0	0	0
Gebüsch (>0.5-5 m)	0	0	0	0
Wiese / Weide	88	94	95	95

Andere Schichten	Bedeckung (%)			
Streu	0	6	3	1
Totholz	1	0	0	6
Stein / Fels (> 63 mm)	0	0	0	0
Kies (2–63 mm)	0	1	0	0
Feiner Boden (< 2 mm)	2	7	2	4

No.	Taxon	Weide Q1	Weide Q2	Wiese Q1	Wiese Q2
	Startzeit / Endzeit	12:32 / 12:48	11:55 / 12:16	14:05 / 14:20	13:02 / 13:20
1	Calliptamus italicus			#1	S 1 (3x Umgebung)
2	Chorthippus albomarginatus	 	K 	K 	K
3	Chorthippus biguttulus (5x)	 	K 	K 	K
4	Chorthippus brunneus	 	K		
5	Chorthippus parallelus	 	K 	S	
6	Chrysochaera dispar				
7	Conocephalus fuscus				
8	Decticus verrucivorus				
9	Euthystira brachyptera				
10	Gomphocerippus rufus		I	S	
11	Gryllotalpa gryllotalpa				
12	Gryllus campestris				
13	Leptophyes punctatissima				
14	Meconema meridionale				
15	Meconema thalassinum				
16	Mecostethus parapleurus				
17	Metrioptera bicolor			III	K I (viele in Umgebung)
18	Metrioptera roeselii				(Umgebung)
19	Nemobius sylvestris				
20	Oecanthus pellucens				
21	Oedipoda caerulea				
22	Omocestus rufipes				
23	Omocestus viridulus				
24	Phaneroptera falcata			 	S
25	Phaneroptera nana				
26	Pholidoptera griseoaptera				
27	Platycleis albopunctata	 	K 	K 	K
28	Pteronemobius heydenii				
29	Ruspolia nitidula				
30	Sphingonotus caeruleus				
31	Stenobothrus lineatus				
32	Stethophyma grossum				
33	Tetrix bipunctata				
34	Tetrix subulata				
35	Tetrix tenuicornis		I	S	
36	Tetrix undulata				
37	Tettigonia viridissima			I	S
38					
39					

Abbildung 10: Feldblatt der ersten Begehung aus dem Untersuchungsgebiet AH10.

Feldprotokoll Heuschreckenerhebung Begehung 2/2

Datum: 03.09.2020

Untersuchungsgebiet: AH 10 Temperatur: 21 / 23 / 21 / 23

Bewölkung: 1/8 1/8 1/8 1/8

Ausrichtung: / / / / / Neigung: / / / / /

Bf (<3): 1 / 0 / 0 / 1

Landnutzung: 2. evtl. 2. Nutzung: / / / / / 2. Schnitt: / / / / /

2. evtl. keine Nutzung mehr

Vegetationstyp: / / / / /

Veg. Höhe: 22 / 14 / 31 / 15 / 7 / 9 / 12 / 16 / 13 / 5 / 6 / 9 / 31 / 8 / 13 / 11 / 14 / 18 / 11 / 3 / 6 cm

Schichten	Bedeckung (%)			
Vegetation total	82	81	83	86
Bäume (>5 m)	0	0	0	0
Gebüsch (>0.5-5 m)	0	0	0	0
Wiese / Weide	82	81	83	86

Andere Schichten	Bedeckung (%)			
Streu	14	7	0	11
Totholz	0	0	0	0
Stein / Fels (> 63 mm)	0	0	0	0
Kies (2-63 mm)	0	0	0	0
Feiner Boden (< 2 mm)	4	6	6	3

No.	Taxon	Weide Q1 12	Weide Q2 14	Wiese Q1 14	Wiese Q2 14
	Startzeit / Endzeit	14:37 / 14:49	15:00 / 15:14	13:15 / 13:29	13:56 / 14:10
1	Calliptamus italicus				
2	Chorthippus albomarginatus		K	K	K
3	Chorthippus biguttulus (x5)		K	K	K
4	Chorthippus brunneus		K	K	K (Umgebung)
5	Chorthippus parallelus		K		
6	Chrysocraon dispar				
7	Conocephalus fuscus	(Umgebung)	(Umgebung)		
8	Decticus verrucivorus				
9	Euthystira brachyptera				
10	Gomphocerippus rufus				
11	Gryllotalpa gryllotalpa				
12	Gryllus campestris			(Umgebung)	
13	Leptophyes punctatissima				
14	Meconema meridionale				
15	Meconema thalassinum				
16	Mecostethus parapleurus				
17	Metrioptera bicolor				
18	Metrioptera roeselii				K
19	Nemobius sylvestris				
20	Oecanthus pellucens				
21	Oedipoda caerulea				
22	Omocestus rufipes				
23	Omocestus viridulus				
24	Phaneroptera falcata			(Umgebung)	(Umgebung)
25	Phaneroptera nana				
26	Pholidoptera griseoaptera				
27	Platycleis albopunctata		G	K	G
28	Pteronemobius heydenii				
29	Ruspolia nitidula				
30	Sphingonotus caeruleus				
31	Stenobothrus lineatus				
32	Stethophyma grossum				
33	Tetrix bipunctata				
34	Tetrix subulata				
35	Tetrix tenuicornis			I ?	S
36	Tetrix undulata				
37	Tettigonia viridissima				
38	Tetrix sp. (Nymph)		I	S	
39					

Abbildung 11: Feldblatt der zweiten Begehung aus dem Untersuchungsgebiet AH10.

Feldprotokoll Heuschreckenerhebung Begehung 1/2

Datum: 31.07, 2020

Untersuchungsgebiet: AH 15 Temperatur: 25° / ~~28°~~ / 25° / 30°

Bewölkung: 0/8 / 0/8 / 0/8 / 0/8

Ausrichtung:/...../...../..... Neigung:/...../...../..... Bf (<3):/...../...../.....

Bf (<3):/...../...../.....

Landnutzung: Land beweidet werden / 1. Schritt bewaldet werden / 1. Schritt erfolgt / 1. Schritt erfolgt

erfolgt | er schmeißt er folgt

Vegetationstyp:/...../.....

Veg. Höhe: 5 / 9 / 25 / 16 / 39 / 5 / 16 / 10 / 9 / 18 / 31 / 25 / 52 / 47 / 36 / 50 / 52 / 54 / 42 / 38 cm

Schichten	Bedeckung (%)			
Vegetation total	86	75	99	98
Bäume (>5 m)	0	0	0	0
Gebüsch (>0.5–5 m)	1	1	0	0
Wiese / Weide	88	95	74	98

Andere Schichten	Bedeckung (%)			
Streu	17	5	8	51
Totholz	1	0	0	0
Stein / Fels (> 63 mm)	0	0	0	0
Kies (2–63 mm)	0	1	0	0
Feiner Boden (< 2 mm)	2	19	8	3

No.	Taxon	Weide Q1	Weide Q2	Wiese Q1	Wiese Q2
	Startzeit / Endzeit	10:26 / 10:57	12:40 / 13:04	11:18 / 11:36	13:21 / 13:38
1	Calliptamus italicus				
2	Chorthippus albomarginatus				
3	Chorthippus biguttulus		KS III III III	K IIII	K x5 III III
4	Chorthippus brunneus	III III	K	III	
5	Chorthippus parallelus x10	III III	K (Umgebung)	III	K (Umgebung)
6	Chrysochaon dispar				
7	Conocephalus fuscus	III III	K		
8	Decticus verrucivorus				
9	Euthystira brachyptera				
10	Gomphocerippus rufus				
11	Gryllotalpa gryllotalpa				
12	Gryllus campestris				
13	Leptophyes punctatissima				
14	Meconema meridionale				
15	Meconema thalassinum				
16	Mecostethus parableurus	I	S III	S III II	S
17	Metrioptera bicolor				
18	Metrioptera roeselii x5	(Umgebung)	I I	G IIII	K II
19	Nemobius sylvestris				
20	Oecanthus pellucens				
21	Oedipoda caerulea				
22	Omocestus rufipes				
23	Omocestus viridulus				
24	Phaneroptera falcata		III		I
25	Phaneroptera nana				S
26	Pholidoptera griseoaptera				
27	Platycleis albopunctata		III III III	K	
28	Pteronemobius heydenii				
29	Ruspolia nitidula				I
30	Sphingonotus caeruleus				S
31	Stenobothrus lineatus		I	G	
32	Stethophyma grossum	III III	K		
33	Tetrix bipunctata				
34	Tetrix subulata				
35	Tetrix tenuicornis				
36	Tetrix undulata	I	S		
37	Tettigonia viridissima				
38	Chorthippus dorsalis x5	III III III	K II	I	K II
39					

Abbildung 12: Feldblatt der ersten Begehung aus dem Untersuchungsgebiet AH15.

Feldprotokoll Heuschreckenerhebung Begehung 2/2

Datum: 25.08.2020

Untersuchungsgebiet: AH 15 Temperatur: 22 / 22 / 23 / 22

Bewölkung: $\frac{4}{8}$ / $\frac{5}{8}$ / $\frac{4}{8}$ / $\frac{5}{8}$

Ausrichtung:/...../...../..... **Neigung:**

Neigung:

Bf (<3): 2 / 2 / 1 / 2

Landnutzung: seither nicht mehr bewaldet seither nicht mehr bewaldet 2ter Schnitt früh gemacht 2ter Schnitt erfolgt k. AGS

Anschließend 2ter Schritt erfolgt

Vegetationstyp:

Veg. Höhe: 16 / 22 / 18 / 43 / 57 / 33 / 8 / 5 / 26 / 29 / 7 / 8 / 9 / 10 / 6 / 12 / 16 / 9 / 6 / 8 cm

Schichten	Bedeckung (%)			
Vegetation total	80,91	87	89	96
Bäume (>5 m)	0	0	0	0
Gebüsch (>0,5–5 m)	1	1	0	0
Wiese / Weide	90	86	89	96

Andere Schichten	Bedeckung (%)			
Streu	88	4	0	0
Totholz	0	0	0	0
Stein / Fels (> 63 mm)	0	0	0	0
Kies (2–63 mm)	0	1	0	0
Feiner Boden (< 2 mm)	1	8	71	4

No.	Taxon	Weide Q1 15	Weide Q2 13	Wiese Q1 15	Wiese Q2 14
	Startzeit / Endzeit	15:09 17:24	13:55 14:08	14:35 14:54	13:31 13:45
1	Calliptamus italicus				
2	Chorthippus albomarginatus	III	K	(Umgebung)	
3	Chorthippus biguttulus (x5)		III	K II	K III
4	Chorthippus brunneus				
5	Chorthippus parallelus	III	K	II	K I
6	Chrysochraon dispar				
7	Conocephalus fuscus	III	K		
8	Decticus verrucivorus				
9	Euthystira brachyptera				
10	Gomphocerippus rufus			(Umgebung)	
11	Gryllotalpa gryllotalpa				
12	Gryllus campestris				
13	Leptophyes punctatissima				
14	Meconema meridionale				
15	Meconema thalassinum				
16	Mecostethus parapleurus		II	III	S
17	Metrioptera bicolor				
18	Metrioptera roeselii		(Umgebung)		
19	Nemobius sylvestris			(Umgebung)	
20	Oecanthus pellucens				
21	Oedipoda caerulea				
22	Omocestus rufipes				
23	Omocestus viridulus				
24	Phaneroptera falcata		II	S	
25	Phaneroptera nana				
26	Pholidoptera griseoaptera			(Umgebung)	
27	Platycleis albopunctata		III II	K	(Umgebung)
28	Pteronemobius heydenii				
29	Ruspolia nitidula				
30	Sphingonotus caeruleus				
31	Stenobothrus lineatus				I
32	Stethophyma grossum	III	K		
33	Tetrix bipunctata				
34	Tetrix subulata		II	III	S
35	Tetrix tenuicornis				
36	Tetrix undulata			II	
37	Tettigonia viridissima				
38	Tetrix sp. (Nympha)		II	II	S II
39					

Abbildung 13: Feldblatt der zweiten Begehung aus dem Untersuchungsgebiet AH15.

Feldprotokoll Heuschreckenerhebung Begehung 1/2

Datum: 07.08.2020

Untersuchungsgebiet: AH 18 Temperatur: 28° 28° 28° 28°

Bewölkung: 0/8 0/8 0/8 0/8

Ausrichtung: Neigung: 1.8 km/h erfolgt

Landnutzung: beweidet worden / beweidet worden / beweidet worden / beweidet worden

Vegetationstyp: 1.8 km/h erfolgt

Veg. Höhe: 21. 19. 11. 17. 23. 8. 13. 7. 25. 32. 6. 7. 8. 5. 14. 17. 26. 34. 37. 29 cm

Schichten	Bedeckung (%)				Andere Schichten	Bedeckung (%)			
Vegetation total	94	93	95	98	Streu	5	1	4	4
Bäume (>5 m)	0	0	0	0	Totholz	0	0	0	0
Gebüsch (>0.5-5 m)	0	0	0	0	Stein / Fels (> 63 mm)	0	0	0	0
Wiese / Weide	94	93	95	98	Kies (2-63 mm)	0	0	0	0
					Feiner Boden (< 2 mm)	1	6	1	1

No.	Taxon	Weide Q1	Weide Q2*	Wiese Q1	Wiese Q2
	Startzeit / Endzeit	15:10-15:21	15:31-15:44	16:23-16:35	16:09-16:13
1	Calliptamus italicus				
2	Chorthippus albomarginatus				
3	Chorthippus biguttulus (X5)	III'	K III'	K III'	K
4	Chorthippus brunneus				
5	Chorthippus parallelus	III	S III/III'	K III/III'	K
6	Chrysocraon dispar				
7	Conocephalus fuscus				
8	Decticus verrucivorus				
9	Euthystira brachyptera				
10	Gomphocerippus rufus	III'	K (Umgebung)		K
11	Gryllotalpa gryllotalpa				
12	Gryllus campestris			I	S
13	Leptophyes punctatissima				
14	Meconema meridionale				
15	Meconema thalassinum				
16	Mecostethus parapleurus				
17	Metrioptera bicolor				
18	Metrioptera roeselii	II	G II	K (Umgebung)	II
19	Nemobius sylvestris				
20	Oecanthus pellucens				
21	Oedipoda caerulea				
22	Omocestus rufipes				
23	Omocestus viridulus				
24	Phaneroptera falcata				
25	Phaneroptera nana				
26	Pholidoptera griseoaptera				
27	Platycleis albopunctata				
28	Pteronemobius heydenii				
29	Ruspolia nitidula				
30	Sphingonotus caeruleus				
31	Stenobothrus lineatus				
32	Stethophyma grossum		(Umgebung)		
33	Tetrix bipunctata				
34	Tetrix subulata				
35	Tetrix tenuicornis		I	S	
36	Tetrix undulata				
37	Tettigonia viridissima				
38					
39					

* Nicht Q2 würdig - keine einzige Zeigerpflanze sichtbar

6

Abbildung 14: Feldblatt der ersten Begehung aus dem Untersuchungsgebiet AH18.

Feldprotokoll Heuschreckenerhebung Begehung 2/2

Datum: 27.08.2020

Untersuchungsgebiet: AH18 Temperatur: 22/22/21/22

Bewölkung: 4/8 2/8 1/8

Ausrichtung: / Neigung: /

Bf (<3): 0 1 9 0

Landnutzung: Wied. bewirtschaft. / Seethur. k. Nutzung mehr / Seethur. k. Nutzung weder / Seethur. k. Nutzung auch

Vegetationstyp: /

Veg. Höhe: 13.8.14.19.9.23.16.31.9.13.16.12.17.9.25.18.24.26.17.17 cm

Schichten	Bedeckung (%)				Andere Schichten	Bedeckung (%)			
Vegetation total	80	91	84	90	Streu	4	2	3	0
Bäume (>5 m)	0	0	0	0	Totholz	0	0	0	0
Gebüsch (>0.5-5 m)	0	0	0	0	Stein / Fels (> 63 mm)	0	0	0	0
Wiese / Weide	90	91	94	99	Kies (2-63 mm)	0	0	0	0
					Feiner Boden (< 2 mm)	6	7	3	1

No.	Taxon	Weide Q1 14	Weide Q2 14	Wiese Q1 14	Wiese Q2 13
	Startzeit / Endzeit	12:28 / 12:42	12:06 / 12:20	11:06 / 11:20	11:35 / 11:48
1	Calliptamus italicus				
2	Chorthippus albomarginatus				
3	Chorthippus biguttulus (x5)	///	K ///	K ///	K ///
4	Chorthippus brunneus	/	G		///
5	Chorthippus parallelus	(Umgebung)	///	K ///	K ///
6	Chrysocraon dispar				
7	Conocephalus fuscus				
8	Decticus verrucivorus				
9	Euthystira brachyptera				
10	Gomphocerippus rufus	///	K		
11	Gryllotalpa gryllotalpa				
12	Gryllus campestris				
13	Leptophyes punctatissima				
14	Meconema meridionale				
15	Meconema thalassinum				
16	Mecostethus parapleurus	(Umgebung)	(Umgebung)	I	S
17	Metrioptera bicolor				
18	Metrioptera roeselii	///	K	(Umgebung)	///
19	Nemobius sylvestris				K
20	Oecanthus pellucens				
21	Oedipoda caerulea				
22	Omocestus rufipes				
23	Omocestus viridulus				
24	Phaneroptera falcata				
25	Phaneroptera nana				
26	Pholidoptera griseoaptera				
27	Platycleis albopunctata		///	K	
28	Pteronemobius heydenii				
29	Ruspolia nitidula				
30	Sphingonotus caeruleus				
31	Stenobothrus lineatus				
32	Stethophyma grossum				
33	Tetrix bipunctata				
34	Tetrix subulata	///	S	I	S
35	Tetrix tenuicornis				
36	Tetrix undulata				
37	Tettigonia viridissima				
38	Tetrix sp. (Nympha)		///	S	
39					

Abbildung 15: Feldblatt der zweiten Begehung aus dem Untersuchungsgebiet AH18.

Feldprotokoll Heuschreckenerhebung Begehung 1/2

Datum: 07.08.2020

Untersuchungsgebiet: AH24 Temperatur: 26° 26° 24° 22°

Bewölkung: 0/1 0/8 0/8 0/8

Ausrichtung: Neigung:

Bf (<3):

Landnutzung: bereits beweidet worden / bereits beweidet worden / 1. Schnitt erfolgt / 1. Schnitt erfolgt

Vegetationstyp:

Veg. Höhe: 6 8 15 8 9 16 3 2 24 18 11 25 19 17 26 21 24 18 18 24 22 cm

Schichten	Bedeckung (%)			
Vegetation total	87	84	93	88
Bäume (>5 m)	0	0	0	0
Gebüsch (>0.5-5 m)	0	2	0	0
Wiese / Weide	87	82	89	88

Andere Schichten	Bedeckung (%)			
Streu	0	2	0	11
Totholz	0	0	0	0
Stein / Fels (> 63 mm)	0	0	0	0
Kies (2-63 mm)	1	1	0	0
Feiner Boden (< 2 mm)	12	13	1	1

No.	Taxon	Weide Q1	Weide Q2	Wiese Q1	Wiese Q2
	Startzeit / Endzeit	11:57 / 12:06	12:27 / 12:44	10:47 / 11:06	11:19 / 11:33
1	Calliptamus italicus				
2	Chorthippus albomarginatus	II	K III	K	III/II
3	Chorthippus biguttulus (x5)	III/III	K III	K III	K
4	Chorthippus brunneus			II	K
5	Chorthippus parallelus		III	K III/III	K III/III
6	Chrysochraon dispar			III	
7	Conocephalus fuscus				
8	Decticus verrucivorus				
9	Euthystira brachyptera		I	S	
10	Gomphocerippus rufus	III	K III	K	I
11	Gryllotalpa gryllotalpa				
12	Gryllus campestris	I	S II	S	I
13	Leptophyes punctatissima				
14	Meconema meridionale				
15	Meconema thalassinum				
16	Mecostethus parapseus			III	S III/III
17	Metrioptera bicolor				
18	Metrioptera roeselii	(Umgebung)	II	G III/III	K III/III
19	Nemobius sylvestris				
20	Oecanthus pellucens				
21	Oedipoda caerulea				
22	Omocestus rufipes				
23	Omocestus viridulus				
24	Phaneroptera falcata			I	S I
25	Phaneroptera nana				
26	Pholidoptera griseoaptera				
27	Platycleis albopunctata	II	G III/III	K (Umgebung)	I
28	Pteronemobius heydenii				
29	Ruspolia nitidula				
30	Sphingonotus caeruleus				
31	Stenobothrus lineatus		II	G II	S II
32	Stethophyma grossum				
33	Tetrix bipunctata				
34	Tetrix subulata				
35	Tetrix tenuicornis	I	S I	S I	S
36	Tetrix undulata				
37	Tettigonia viridissima				
38					
39					

spr. C. big?

Abbildung 16: Feldblatt der ersten Begehung aus dem Untersuchungsgebiet AH24.

Feldprotokoll Heuschreckenerhebung Begehung 2/2

Datum: 27.08.2000

2 Untersuchungsgebiet: AH 24 Temperatur: 22 / 24 / 21 / 22

Bewölkung: 3/8 5/8 4/8 5/8

Ausrichtung: Neigung: Bf (<3): 1 / 1 / 1 / 1

Landnutzung: Vegetationstyp: Veg. Höhe: 6 / 10 / 4 / 3 / 7 / 11 / 5 / 4 / 12 / 3 / 22 / 8 / 11 / 14 / 10 / 16 / 9 / 8 / 11 / 23 / 11 cm

Schichten	Bedeckung (%)			
Vegetation total	21	83	99	21
Bäume (>5 m)	0	0	0	0
Gebüsch (>0.5-5 m)	30	3	0	0
Wiese / Weide	91	80	99	99

Andere Schichten	Bedeckung (%)			
Streu	5	1	5	7
Totholz	0	0	0	0
Stein / Fels (> 63 mm)	0	0	0	0
Kies (2-63 mm)	0	1	0	0
Feiner Boden (< 2 mm)	8	11	1	2

No.	Taxon	Weide Q1 15	Weide Q2 20	Wiese Q1 14	Wiese Q2 15
	Startzeit / Endzeit	15:02 / 15:17	14:20 / 14:41	15:03 / 16:17	15:33 / 15:48
1	Calliptamus italicus				
2	Chorthippus albomarginatus	III	K III	K I	III
3	Chorthippus biguttulus (x5)	III	K II	K III	K
4	Chorthippus brunneus	III	K I	0	K
5	Chorthippus parallelus		III	K III	K III
6	Chrysocraon dispar				
7	Conocephalus fuscus				
8	Decticus verrucivorus				
9	Euthystira brachyptera		I	K	
10	Gomphocerippus rufus		III	K	
11	Gryllotalpa gryllotalpa				
12	Gryllus campestris	I	3 (Umgebung)	III	3
13	Leptophyes punctatissima				
14	Meconema meridionale				
15	Meconema thalassinum				
16	Mecostethus parapleurus			III	3
17	Metrioptera bicolor		II	III	3
18	Metrioptera roeselii		(Umgebung)	(Umgebung)	
19	Nemobius sylvestris		(Umgebung)		
20	Oecanthus pellucens				
21	Oedipoda caerulea				
22	Omocentrus rufipes				
23	Omocentrus viridulus				
24	Phaneroptera falcata	I	3 I	3	
25	Phaneroptera nana				
26	Pholidoptera griseoaptera				
27	Platycleis albopunctata	(Umgebung)	III	K (Umgebung)	
28	Pteronemobius heydenii				
29	Ruspolia nitidula				
30	Sphingonotus caeruleus				
31	Stenobothrus lineatus		II	K I	
32	Stethophyma grossum				
33	Tetrix bipunctata				
34	Tetrix subulata				
35	Tetrix tenuicornis	III	S II	S	
36	Tetrix undulata				
37	Tettigonia viridissima				
38	Tetrix sp. (Nympha)	III		3	
39					

Abbildung 17: Feldblatt der zweiten Begehung aus dem Untersuchungsgebiet AH24.

Anhang 5: Vergleiche der Qualitätsstufen und der Nutzungstypen

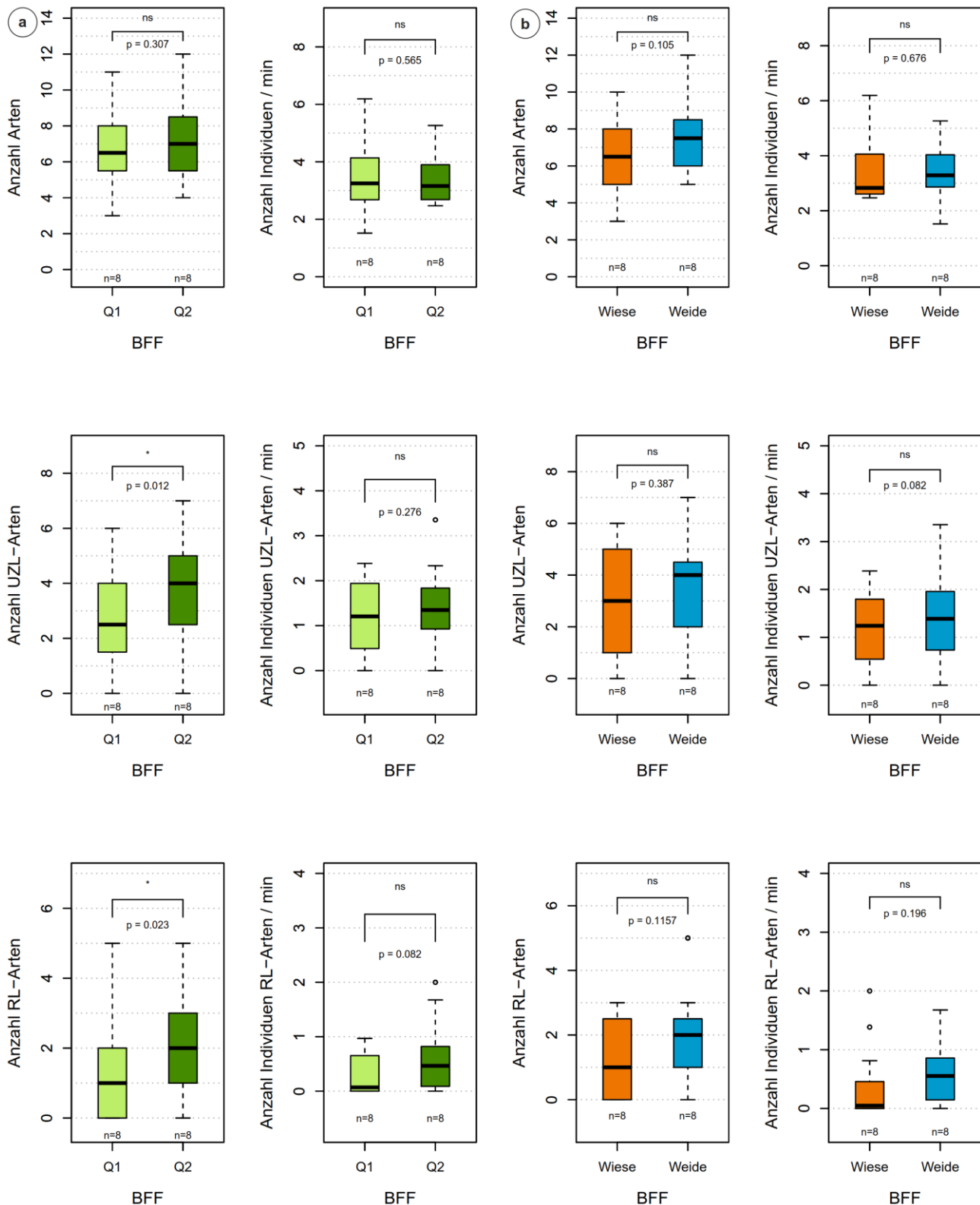


Abbildung 18: a) Vergleiche zwischen den Biodiversitätsförderflächen (BFF extensiv genutzte Wiesen und BFF extensiv genutzten Weiden) mit Qualitätsstufe 1 (Q1) und Qualitätsstufe 2 (Q2), b) Vergleiche zwischen den Biodiversitätsförderflächen (BFF) extensiv genutzte Wiese (Q1 und Q2) und extensiv genutzte Weide (Q1 und Q2).

Anhang 6: Die p-Werte der ANOVA und des TukeyHSD-Tests

Tabelle 3: Die p-Werte der ANOVA und des TukeyHSD-Tests. Die Ergebnisse wurden mit $p < 0.05$ als signifikant angesehen. Arten- und Individuenzahlen wurden in drei Kategorien aufgeteilt: Gesamt (Total), Umweltziele Landwirtschaft Arten (UZL-Arten) und Rote Liste Arten (RL-Arten).

Artenzahl	Total	UZL-Arten	RL-Arten
ANOVA			
aov	0.465	0.389	0.113
TukeyHSD			
WEQ2-WEQ1	0.963	0.618	0.869
WIQ1-WEQ1	0.709	0.976	0.331
WIQ2-WEQ1	0.963	0.904	0.997
WIQ1-WEQ2	0.423	0.378	0.083
WIQ2-WEQ2	0.776	0.947	0.774
WIQ2-WIQ1	0.932	0.700	0.432
Individuenzahl	Total	UZL-Arten	RL-Arten
ANOVA			
aov	0.724	0.824	0.212
TukeyHSD			
WEQ2-WEQ1	0.976	0.857	0.950
WIQ1-WEQ1	0.968	0.999	0.459
WIQ2-WEQ1	0.942	0.998	0.996
WIQ1-WEQ2	0.999	0.834	0.205
WIQ2-WEQ2	0.768	0.915	0.987
WIQ2-WIQ1	0.742	0.997	0.345

Anhang 7: Vergleiche zwischen allen untersuchten Biodiversitätsförderflächen

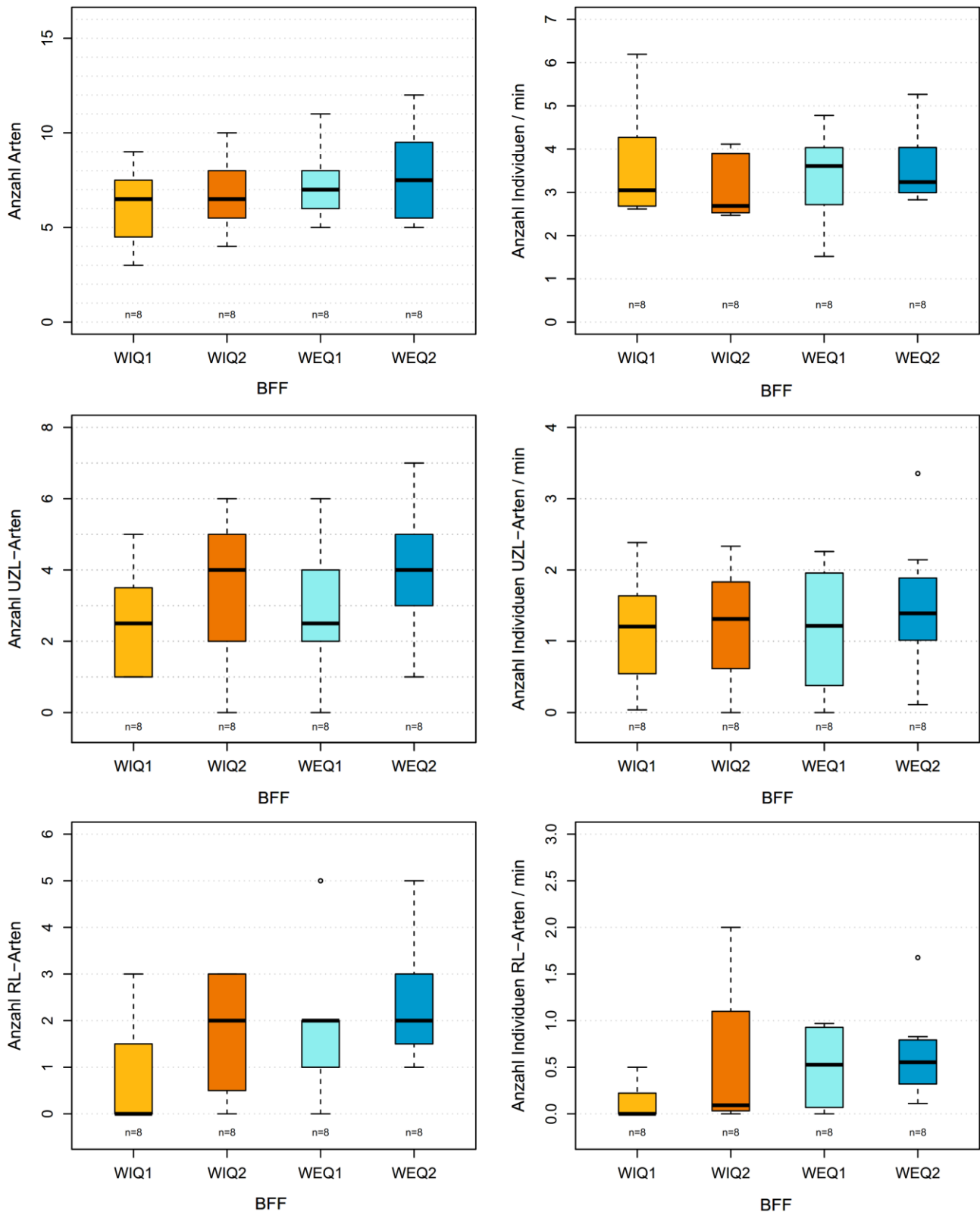


Abbildung 19: Vergleiche zwischen den Biodiversitätsförderflächen (BFF) extensiv genutzte Wiese mit Qualitätsstufe 1 (WIQ1), extensiv genutzte Wiese mit Qualitätsstufe 2 (WIQ2), extensiv genutzte Weide mit Qualitätsstufe 1 (WEQ1) und extensiv genutzte Weide mit Qualitätsstufe 2 (WEQ2).

Anhang 8: Regressionen der gemittelten Endmodelle (glmer)

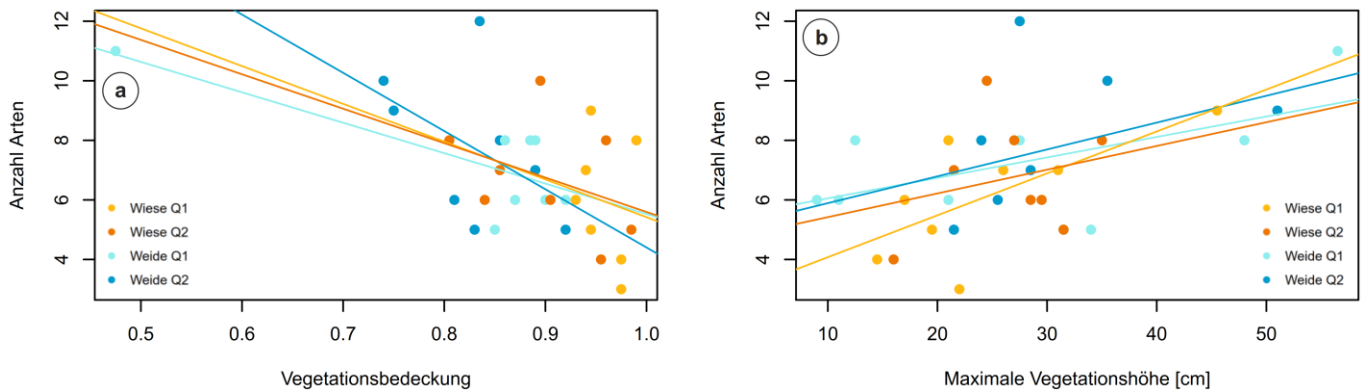


Abbildung 20: Lineare Regressionen zwischen a) Anzahl Arten und Vegetationsbedeckung, b) Anzahl Arten und maximale Vegetationshöhe. Die Regressionslinien wurden für jeden BFF-Typ einzeln abgebildet, wobei extensiv genutzte Wiesen mit Qualitätsstufe 1 (Q1) gelb, extensiv genutzte Wiesen mit Qualitätsstufe 2 (Q2) orange, extensiv genutzte Weiden mit Qualitätsstufe 1 (Q1) hellblau und extensiv genutzte Weiden mit Qualitätsstufe 2 (Q2) blau dargestellt werden.

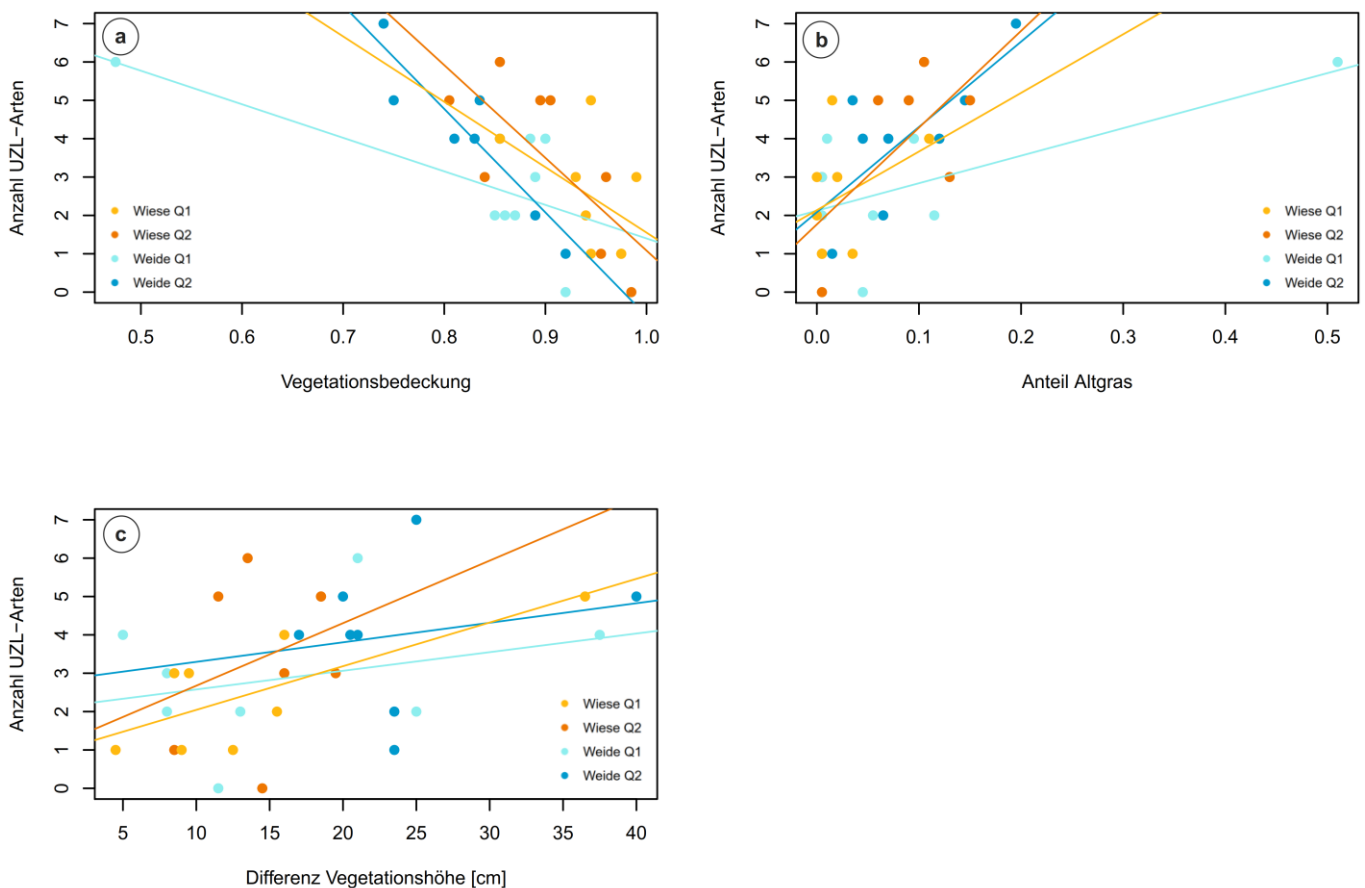


Abbildung 21: Lineare Regressionen zwischen a) Anzahl Umweltziele Landwirtschaft Arten (UZL-Arten) und Vegetationsbedeckung, b) Anzahl UZL-Arten und Altgrasanteil, c) Anzahl UZL-Arten und Differenz der Vegetationshöhen. Die Regressionslinien wurden für jeden BFF-Typ einzeln abgebildet, wobei extensiv genutzte Wiesen mit Qualitätsstufe 1 (Q1) gelb, extensiv genutzte Wiesen mit Qualitätsstufe 2 (Q2) orange, extensiv genutzte Weiden mit Qualitätsstufe 1 (Q1) hellblau und extensiv genutzte Weiden mit Qualitätsstufe 2 (Q2) blau dargestellt werden.

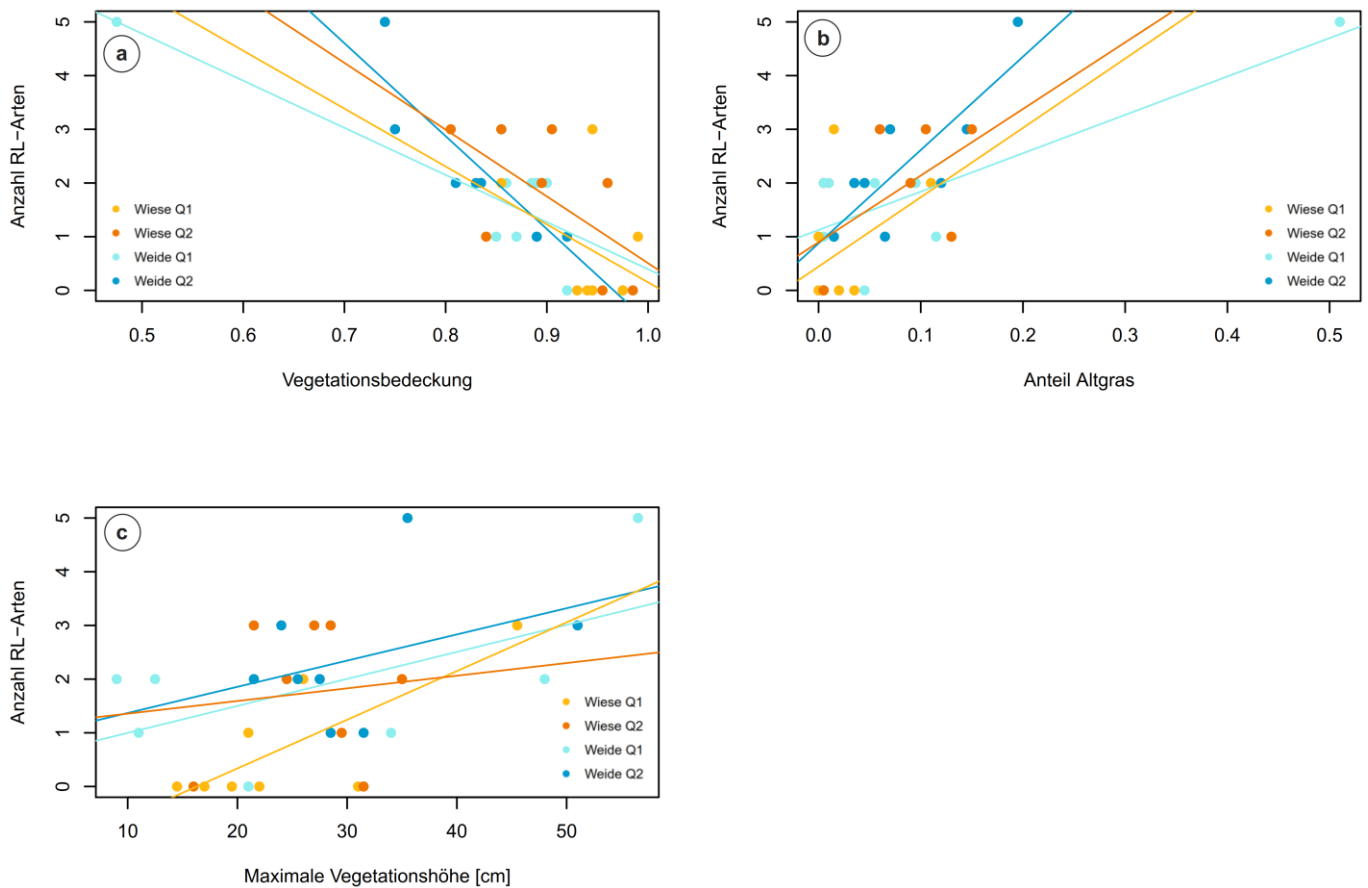


Abbildung 22: Lineare Regressionen zwischen a) Anzahl Rote Liste Arten (RL-Arten) und Vegetationsbedeckung, b) Anzahl RL-Arten und Altgrasanteil, c) Anzahl RL-Arten und maximale Vegetationshöhe. Die Regressionslinien wurden für jeden BFF-Typ einzeln abgebildet, wobei extensiv genutzte Wiesen mit Qualitätsstufe 1 (Q1) gelb, extensiv genutzte Wiesen mit Qualitätsstufe 2 (Q2) orange, extensiv genutzte Weiden mit Qualitätsstufe 1 (Q1) hellblau und extensiv genutzte Weiden mit Qualitätsstufe 2 (Q2) blau dargestellt werden.

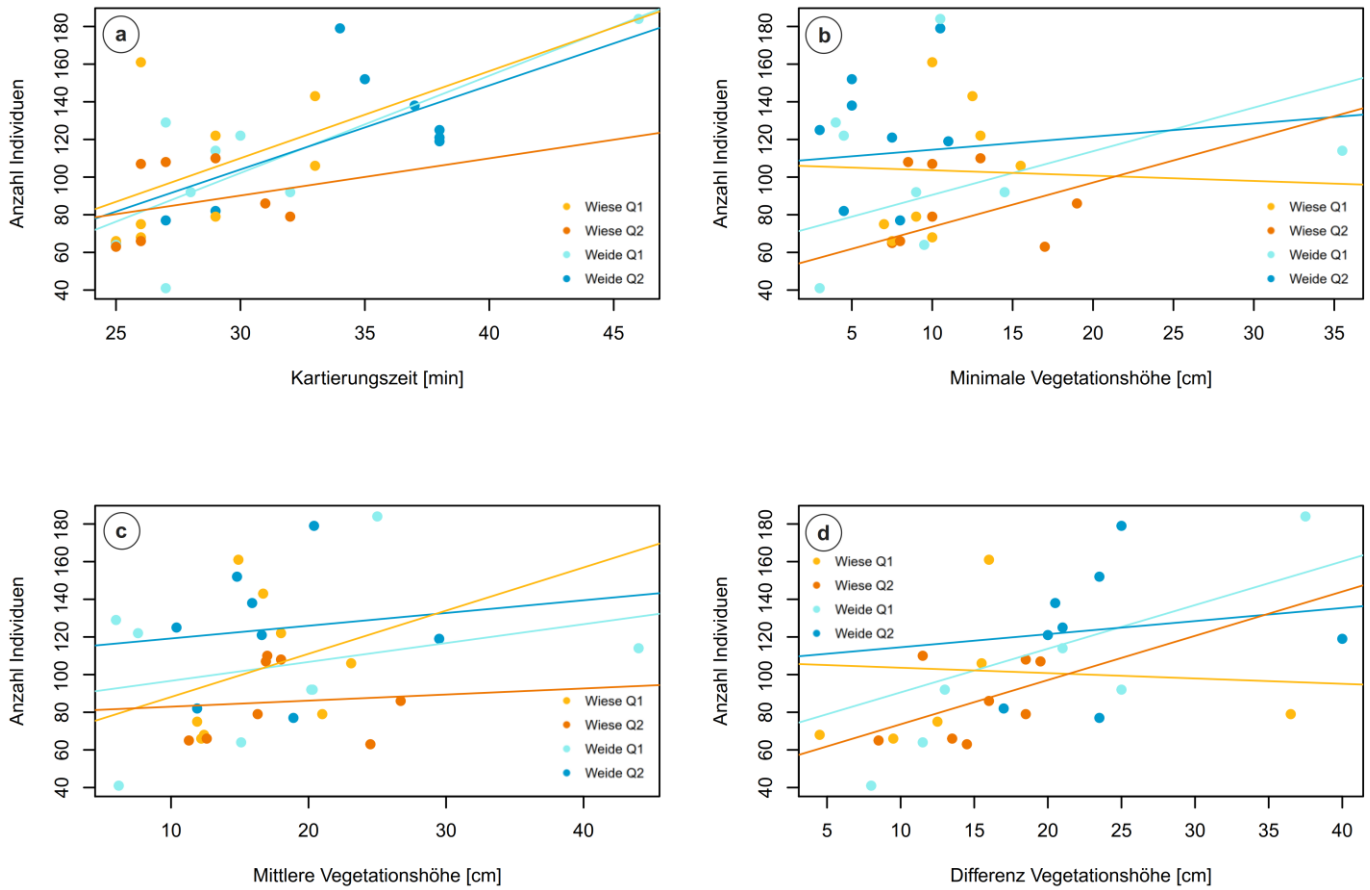


Abbildung 23: Lineare Regressionen zwischen a) Anzahl Individuen und Kartierungszeit, b) Anzahl Individuen und minimale Vegetationshöhe, c) Anzahl Individuen und mittlere Vegetationshöhe, d) Anzahl Individuen und Differenz der Vegetationshöhe. Die Regressionslinien wurden für jeden BFF-Typ einzeln abgebildet, wobei extensiv genutzte Wiesen mit Qualitätsstufe 1 (Q1) gelb, extensiv genutzte Wiesen mit Qualitätsstufe 2 (Q2) orange, extensiv genutzte Weiden mit Qualitätsstufe 1 (Q1) hellblau und extensiv genutzte Weiden mit Qualitätsstufe 2 (Q2) blau dargestellt werden.

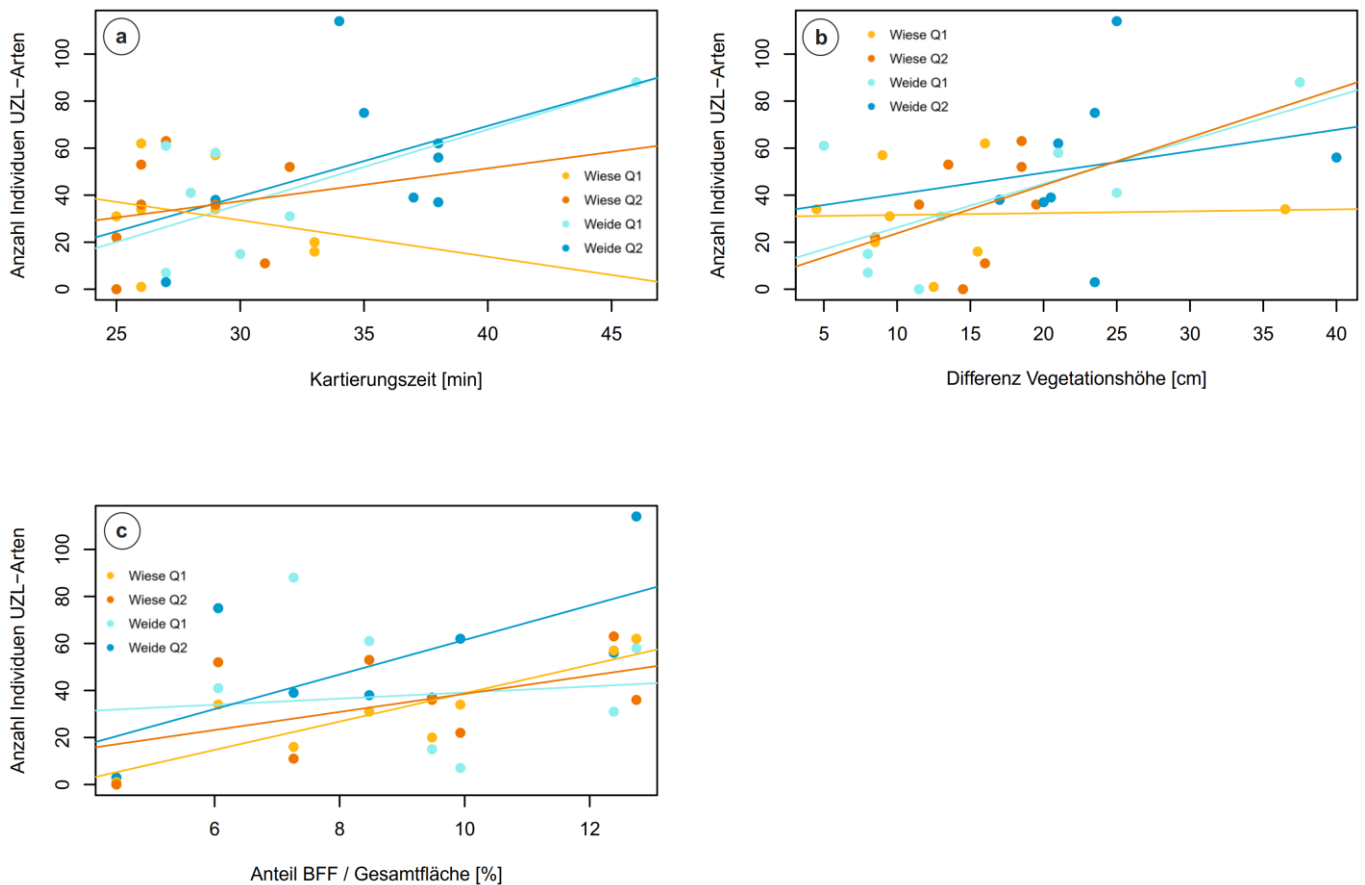


Abbildung 24: Lineare Regressionen zwischen a) Anzahl Individuen Umweltziele Landwirtschaft Arten (UZL-Arten) und Kartierungszeit, b) Anzahl Individuen UZL-Arten und Differenz der Vegetationshöhe, c) Anzahl Individuen UZL-Arten und Anteil Biodiversitätsförderfläche (BFF) / Gesamtfläche. Die Regressionslinien wurden für jeden BFF-Typ einzeln abgebildet, wobei extensiv genutzte Wiesen mit Qualitätsstufe 1 (Q1) gelb, extensiv genutzte Wiesen mit Qualitätsstufe 2 (Q2) orange, extensiv genutzte Weiden mit Qualitätsstufe 1 (Q1) hellblau und extensiv genutzte Weiden mit Qualitätsstufe 2 (Q2) blau dargestellt werden.

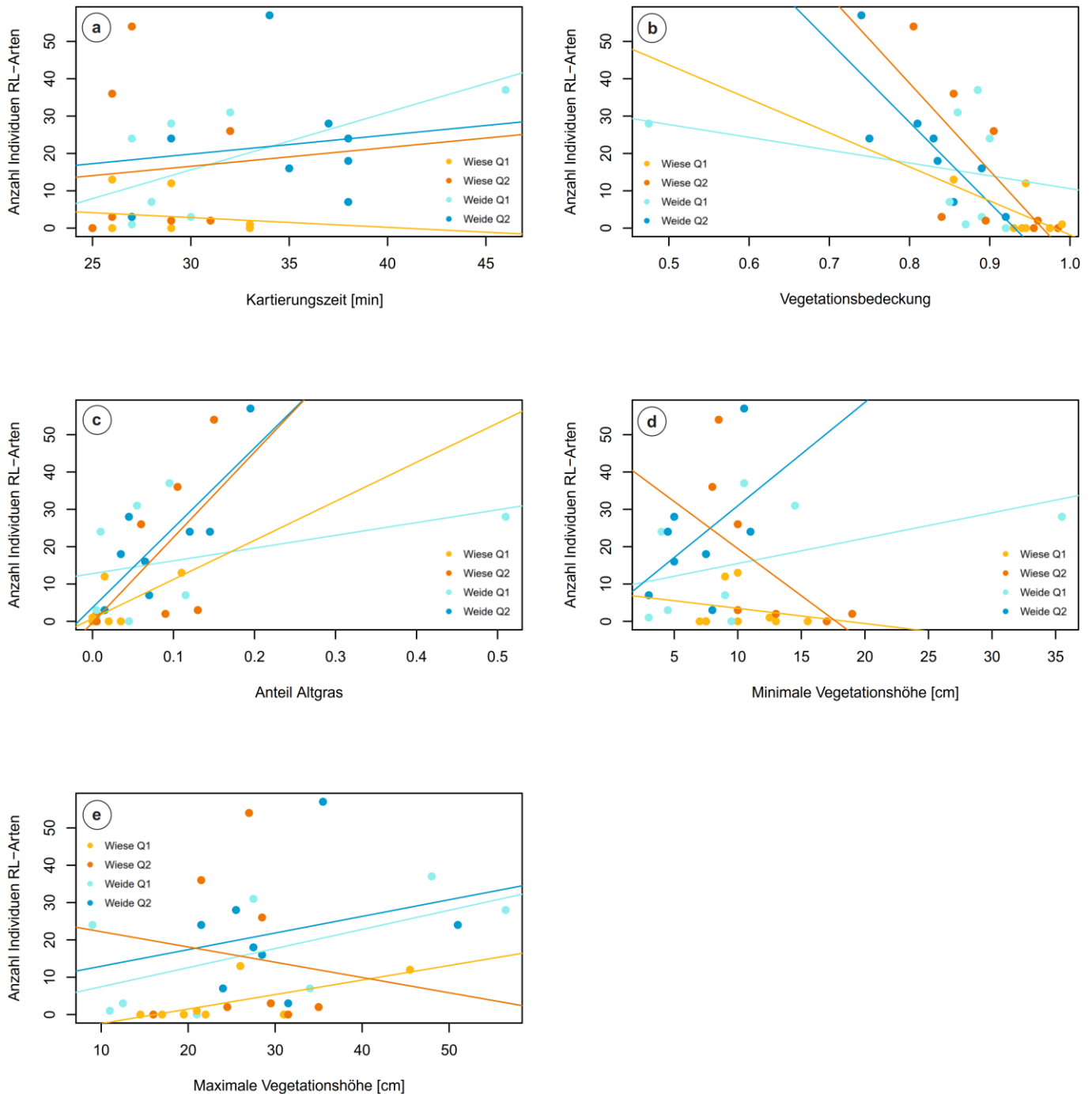


Abbildung 25: Lineare Regressionen zwischen a) Anzahl Individuen Rote Liste Arten (RL-Arten) und Kartierungszeit, b) Anzahl Individuen RL-Arten und Vegetationsbedeckung, c) Anzahl Individuen RL-Arten und Altgrasanteil, d) Anzahl Individuen RL-Arten und minimale Vegetationshöhe, e) Anzahl Individuen RL-Arten und maximale Vegetationshöhe. Die Regressionslinien wurden für jeden BFF-Typ einzeln abgebildet, wobei extensiv genutzte Wiesen mit Qualitätsstufe 1 (Q1) gelb, extensiv genutzte Wiesen mit Qualitätsstufe 2 (Q2) orange, extensiv genutzte Weiden mit Qualitätsstufe 1 (Q1) hellblau und extensiv genutzte Weiden mit Qualitätsstufe 2 (Q2) blau dargestellt werden.

Anhang 9: R-Skript

1. Daten importieren----

```
setwd("C:/Users/frity/OneDrive - ZHAW/6_Semester/BA/Daten_fuer_R")
Daten_BA_1=read.delim("Alle_Daten_UNTFL_BA.CSV",sep=";", dec=".",header=TRUE)
attach(Daten_BA_1)
str(Daten_BA_1)
data_Q1=subset(Daten_BA_1, bff.cat==0)
data_Q2=subset(Daten_BA_1, bff.cat==1)
data_wiese=subset(Daten_BA_1, nutz.cat==0)
data_weide=subset(Daten_BA_1, nutz.cat==1)
data_wiese_Q1=subset(data_wiese, bff.cat==0)
data_wiese_Q2=subset(data_wiese, bff.cat==1)
data_weide_Q1=subset(data_weide, bff.cat==0)
data_weide_Q2=subset(data_weide, bff.cat==1)
data_IndVal=subset(Daten_BA_1,select=c(44:81))
```

```
#...----
```

```
#...----
```

2. Boxplots----

2.1 QI / QII----

```
dev.off()
# 2.1.1 Artenzahl total----
shapiro.test(rstandard(aov(data_Q1$anz.art.~data_Q2$anz.art.)))
# w = 0.95661, p-value = 0.601
t.test(data_Q1$anz.art.,data_Q2$anz.art., paired = TRUE)
# p-value = 0.3071 => ns.
par(mfrow=c(3,2))
par(mfrow=c(1,3))
boxplot(data_Q1$anz.art.,data_Q2$anz.art.,ylim=c(-0.4,14),boxwex = 0.4,
cex.axis=1.1,cex.lab=1.2)
abline(h = c(0,1,2,3,4,5,6,7,8,9,10,11,12,13,14), lty = 'dotted', col = 'darkgrey',
cex=0.2)
par(new=TRUE)
boxplot(data_Q1$anz.art.,data_Q2$anz.art.,axis=FALSE ,ylim=c(-0.4,14),boxwex = 0.4,
col=c("darkolivegreen2","chartreuse4"),
ylab="Anzahl Arten", xlab="BFF",cex.axis=1.1,cex.lab=1.2)
axis(1,at=seq(1,2,by=1), labels=c("Q1","Q2"))
text(1.5,14,"ns", cex = 0.8)
text(1.5,12.5,"p = 0.307", cex = 0.8)
text(1,-0.5,"n=8", cex = 0.8)
text(2,-0.5,"n=8", cex = 0.8)
segments(x0=1,y0=13.25,x1=2,y1=13.25)
segments(x0=1,y0=13.25,x1=1,y1=12.75)
segments(x0=2,y0=13.25,x1=2,y1=12.75)
mtext("", side=3, outer=TRUE, line=-3, cex=1.25)
```

2.1.2 Artenzahl UZL-Arten----

```
shapiro.test(rstandard(aov(data_Q1$anz.uzl.art.~data_Q2$anz.uzl.art.)))
# w = 0.95149, p-value = 0.5136
t.test(data_Q1$anz.uzl.art.,data_Q2$anz.uzl.art., paired = TRUE)
# p-value = 0.01173 => s
boxplot(data_Q1$anz.uzl.art.,data_Q2$anz.uzl.art.,ylim=c(-0.4,9),boxwex = 0.4,
cex.axis=1.1,cex.lab=1.2)
abline(h = c(0,1,2,3,4,5,6,7,8), lty = 'dotted', col = 'darkgrey', cex=0.2)
par(new=TRUE)
boxplot(data_Q1$anz.uzl.art.,data_Q2$anz.uzl.art.,axis=FALSE ,ylim=c(-0.4,9),boxwex =
0.4, col=c("darkolivegreen2","chartreuse4"),
ylab="Anzahl UZL-Arten", xlab="BFF",cex.axis=1.1,cex.lab=1.2)
axis(1,at=seq(1,2,by=1), labels=c("Q1","Q2"))
text(1.5,8.75,"*", cex = 0.8)
text(1.5,7.5,"p = 0.012", cex = 0.8)
text(1,-0.5,"n=8", cex = 0.8)
text(2,-0.5,"n=8", cex = 0.8)
segments(x0=1,y0=8.25,x1=2,y1=8.25)
segments(x0=1,y0=8.25,x1=1,y1=7.75)
segments(x0=2,y0=8.25,x1=2,y1=7.75)
mtext("", side=3, outer=TRUE, line=-3, cex=1.25)
```

2.1.3 Artenzahl RL-Arten----

```
shapiro.test(rstandard(aov(data_Q1$anz.rl.tot.~data_Q2$anz.rl.tot.)))
# w = 0.968, p-value = 0.8053
t.test(data_Q1$anz.rl.tot.,data_Q2$anz.rl.tot., paired = TRUE)
# p-value = 0.02285 => s
boxplot(data_Q1$anz.rl.tot.,data_Q2$anz.rl.tot.,ylim=c(-0.4,7),boxwex = 0.4,
cex.axis=1.1,cex.lab=1.2)
abline(h = c(0,1,2,3,4,5,6,7,8), lty = 'dotted', col = 'darkgrey', cex=0.2)
par(new=TRUE)
```

```

boxplot(data_Q1$anz.r1.tot.,data_Q2$anz.r1.tot.,axis=FALSE ,ylim=c(-0.4,7),boxwex = 0.4,
col=c("darkolivegreen2","chartreuse4"),
        ylab="Anzahl RL-Arten", xlab="BFF",cex.axis=1.1,cex.lab=1.2)
axis(1,at=seq(1,2,by=1), labels=c("Q1","Q2"))
text(1.5,6.75,"*", cex = 0.8)
text(1.5,5.5,"p = 0.023", cex = 0.8)
text(1,-0.5,"n=8", cex = 0.8)
text(2,-0.5,"n=8", cex = 0.8)
segments(x0=1,y0=6.25,x1=2,y1=6.25)
segments(x0=1,y0=6.25,x1=1,y1=5.75)
segments(x0=2,y0=6.25,x1=2,y1=5.75)
mtext("", side=3, outer=TRUE, line=-3, cex=1.25)

```

2.1.4 Individuenzahl pro Min----

```

shapiro.test(rstandard(aov(data_Q1$anz.ind.min.~data_Q2$anz.ind.min.)))
# w = 0.96272, p-value = 0.7113
t.test(data_Q1$anz.ind.min.,data_Q2$anz.ind.min., paired = TRUE)
# p-value = 0.5654 => ns
boxplot(data_Q1$anz.ind.min.,data_Q2$anz.ind.min.,ylim=c(0,9),boxwex = 0.4,
cex.axis=1.1,cex.lab=1.2)
abline(h = c(0,1,2,3,4,5,6,7,8), lty = 'dotted', col = 'darkgrey', cex=0.2)
par(new=TRUE)
boxplot(data_Q1$anz.ind.min.,data_Q2$anz.ind.min.,axis=FALSE ,ylim=c(0,9),boxwex = 0.4,
col=c("darkolivegreen2","chartreuse4"),
        ylab="Anzahl Individuen / min", xlab="BFF",cex.axis=1.1,cex.lab=1.2)
axis(1,at=seq(1,2,by=1), labels=c("Q1","Q2"))
text(1.5,8.75,"ns", cex = 0.8)
text(1.5,7.5,"p = 0.565", cex = 0.8)
text(1,0.5,"n=8", cex = 0.8)
text(2,0.5,"n=8", cex = 0.8)
segments(x0=1,y0=8.25,x1=2,y1=8.25)
segments(x0=1,y0=8.25,x1=1,y1=7.75)
segments(x0=2,y0=8.25,x1=2,y1=7.75)
mtext("", side=3, outer=TRUE, line=-3, cex=1.25)

```

2.1.5 Individuenzahl pro Min UZL-Arten----

```

shapiro.test(rstandard(aov(data_Q1$anz.ind.min.uzl.~data_Q2$anz.ind.min.uzl.)))
# w = 0.89239, p-value = 0.06078
t.test(data_Q1$anz.ind.min.uzl.,data_Q2$anz.ind.min.uzl., paired = TRUE)
# p-value = 0.2757 => ns
boxplot(data_Q1$anz.ind.min.uzl.,data_Q2$anz.ind.min.uzl.,ylim=c(-0.75,5),boxwex = 0.4,
cex.axis=1.1,cex.lab=1.2)
abline(h = c(0,1,2,3,4,5,6,7,8), lty = 'dotted', col = 'darkgrey', cex=0.2)
par(new=TRUE)
boxplot(data_Q1$anz.ind.min.uzl.,data_Q2$anz.ind.min.uzl.,axis=FALSE ,ylim=c(-
0.75,5),boxwex = 0.4, col=c("darkolivegreen2","chartreuse4"),
        ylab="Anzahl Individuen UZL-Arten / min", xlab="BFF",cex.axis=1.1,cex.lab=1.2)
axis(1,at=seq(1,2,by=1), labels=c("Q1","Q2"))
text(1.5,4.75,"ns", cex = 0.8)
text(1.5,3.5,"p = 0.276", cex = 0.8)
text(1,-0.5,"n=8", cex = 0.8)
text(2,-0.5,"n=8", cex = 0.8)
segments(x0=1,y0=4.25,x1=2,y1=4.25)
segments(x0=1,y0=4.25,x1=1,y1=3.75)
segments(x0=2,y0=4.25,x1=2,y1=3.75)
mtext("", side=3, outer=TRUE, line=-3, cex=1.25)

```

2.1.6 Individuenzahl pro Min RL-Arten----

```

shapiro.test(rstandard(aov(data_Q1$anz.ind.min.r1.tot.~data_Q2$anz.ind.min.r1.tot.)))
# w = 0.91602, p-value = 0.1455
t.test(data_Q1$anz.ind.min.r1.tot.,data_Q2$anz.ind.min.r1.tot., paired = TRUE)
# p-value = 0.08245 => ns
boxplot(data_Q1$anz.ind.min.r1.tot.,data_Q2$anz.ind.min.r1.tot.,ylim=c(-0.75,4),boxwex =
0.4, cex.axis=1.1,cex.lab=1.2)
abline(h = c(0,1,2,3,4,5,6,7,8), lty = 'dotted', col = 'darkgrey', cex=0.2)
par(new=TRUE)
boxplot(data_Q1$anz.ind.min.r1.tot.,data_Q2$anz.ind.min.r1.tot.,axis=FALSE ,ylim=c(-
0.75,4),boxwex = 0.4, col=c("darkolivegreen2","chartreuse4"),
        ylab="Anzahl Individuen RL-Arten / min", xlab="BFF",cex.axis=1.1,cex.lab=1.2)
axis(1,at=seq(1,2,by=1), labels=c("Q1","Q2"))
text(1.5,3.75,"ns", cex = 0.8)
text(1.5,2.5,"p = 0.082", cex = 0.8)
text(1,-0.5,"n=8", cex = 0.8)
text(2,-0.5,"n=8", cex = 0.8)
segments(x0=1,y0=3.25,x1=2,y1=3.25)
segments(x0=1,y0=3.25,x1=1,y1=2.75)
segments(x0=2,y0=3.25,x1=2,y1=2.75)
mtext("", side=3, outer=TRUE, line=-3, cex=1.25)

```

```

#...----
# 2.2 wiese / weide----
dev.off()
# 2.2.1 Artenzahl total----
shapiro.test(rstandard(aov(data_wiese$anz.art.~data_weide$anz.art.)))
# w = 0.98344, p-value = 0.985
t.test(data_wiese$anz.art.,data_weide$anz.art., paired = TRUE)
# p-value = 0.1049 => ns.
par(mfrow=c(3,2))
par(mfrow=c(1,3))
boxplot(data_wiese$anz.art.,data_weide$anz.art.,ylim=c(0,14),boxwex = 0.4,
cex.axis=1.1,cex.lab=1.2)
abline(h = c(0,1,2,3,4,5,6,7,8,9,10,11,12,13,14), lty = 'dotted', col = 'darkgrey',
cex=0.2)
par(new=TRUE)
boxplot(data_wiese$anz.art.,data_weide$anz.art.,axis=FALSE ,ylim=c(0,14),boxwex = 0.4,
col=c("darkorange2","deepskyblue3"),
ylab="Anzahl Arten", xlab="BFF",cex.axis=1.1,cex.lab=1.2)
axis(1,at=seq(1,2,by=1), labels=c("wiese","weide"))
text(1.5,14,"ns", cex = 0.8)
text(1.5,12.5,"p = 0.105", cex = 0.8)
text(1,0.5,"n=8", cex = 0.8)
text(2,0.5,"n=8", cex = 0.8)
segments(x0=1,y0=13.25,x1=2,y1=13.25)
segments(x0=1,y0=13.25,x1=1,y1=12.75)
segments(x0=2,y0=13.25,x1=2,y1=12.75)
mtext("", side=3, outer=TRUE, line=-3, cex=1.25)

# 2.2.2 Artenzahl UZL-Arten----
shapiro.test(rstandard(aov(data_wiese$anz.uzl.art.~data_weide$anz.uzl.art.)))
# w = 0.90512, p-value = 0.09709
t.test(data_wiese$anz.uzl.art.,data_weide$anz.uzl.art., paired = TRUE)
# p-value = 0.3873 => ns
boxplot(data_wiese$anz.uzl.art.,data_weide$anz.uzl.art.,ylim=c(-1,9),boxwex = 0.4,
cex.axis=1.1,cex.lab=1.2)
abline(h = c(0,1,2,3,4,5,6,7,8), lty = 'dotted', col = 'darkgrey', cex=0.2)
par(new=TRUE)
boxplot(data_wiese$anz.uzl.art.,data_weide$anz.uzl.art.,axis=FALSE ,ylim=c(-1,9),boxwex
= 0.4, col=c("darkorange2","deepskyblue3"),
ylab="Anzahl UZL-Arten", xlab="BFF",cex.axis=1.1,cex.lab=1.2)
axis(1,at=seq(1,2,by=1), labels=c("wiese","weide"))
text(1.5,8.75,"ns", cex = 0.8)
text(1.5,7.5,"p = 0.387", cex = 0.8)
text(1,-0.5,"n=8", cex = 0.8)
text(2,-0.5,"n=8", cex = 0.8)
segments(x0=1,y0=8.25,x1=2,y1=8.25)
segments(x0=1,y0=8.25,x1=1,y1=7.75)
segments(x0=2,y0=8.25,x1=2,y1=7.75)
mtext("", side=3, outer=TRUE, line=-3, cex=1.25)

# 2.2.3 Artenzahl RL-Arten----
shapiro.test(rstandard(aov(data_wiese$anz.rl.tot.~data_weide$anz.rl.tot.)))
# w = 0.82894, p-value = 0.006776
wilcox.test(data_wiese$anz.rl.tot.,data_weide$anz.rl.tot.)
# p-value = 0.1157 => ns.
boxplot(data_wiese$anz.rl.tot.,data_weide$anz.rl.tot.,ylim=c(-1,7),boxwex = 0.4,
cex.axis=1.1,cex.lab=1.2)
abline(h = c(0,1,2,3,4,5,6,7,8), lty = 'dotted', col = 'darkgrey', cex=0.2)
par(new=TRUE)
boxplot(data_wiese$anz.rl.tot.,data_weide$anz.rl.tot.,axis=FALSE ,ylim=c(-1,7),boxwex =
0.4, col=c("darkorange2","deepskyblue3"),
ylab="Anzahl RL-Arten", xlab="BFF",cex.axis=1.1,cex.lab=1.2)
axis(1,at=seq(1,2,by=1), labels=c("wiese","weide"))
text(1.5,6.75,"ns", cex = 0.8)
text(1.5,5.5,"p = 0.1157", cex = 0.8)
text(1,-0.5,"n=8", cex = 0.8)
text(2,-0.5,"n=8", cex = 0.8)
segments(x0=1,y0=6.25,x1=2,y1=6.25)
segments(x0=1,y0=6.25,x1=1,y1=5.75)
segments(x0=2,y0=6.25,x1=2,y1=5.75)
mtext("", side=3, outer=TRUE, line=-3, cex=1.25)

# 2.2.4 Individuenzahl pro Min----
par(mfrow=c(1,3))
shapiro.test(rstandard(aov(data_wiese$anz.ind.min.~data_weide$anz.ind.min.)))
# w = 0.87726, p-value = 0.03518
t.test(data_wiese$anz.ind.min.,data_weide$anz.ind.min., paired = TRUE)
# p-value = 0.6757 => ns
boxplot(data_wiese$anz.ind.min.,data_weide$anz.ind.min.,ylim=c(-0.4,9),boxwex = 0.4,
cex.axis=1.1,cex.lab=1.2)

```

```

abline(h = c(0,1,2,3,4,5,6,7,8), lty = 'dotted', col = 'darkgrey', cex=0.2)
par(new=TRUE)
boxplot(data_wiese$anz.ind.min.,data_weide$anz.ind.min.,axis=FALSE ,ylim=c(-
0.4,9),boxwex = 0.4, col=c("darkorange2","deepskyblue3"),
        ylab="Anzahl Individuen / min", xlab="BFF",cex.axis=1.1,cex.lab=1.2)
axis(1,at=seq(1,2,by=1), labels=c("wiese","weide"))
text(1.5,8.75,"ns", cex = 0.8)
text(1.5,7.5,"p = 0.676", cex = 0.8)
text(1,-0.45,"n=8", cex = 0.8)
text(2,-0.45,"n=8", cex = 0.8)
segments(x0=1,y0=8.25,x1=2,y1=8.25)
segments(x0=1,y0=8.25,x1=1,y1=7.75)
segments(x0=2,y0=8.25,x1=2,y1=7.75)
mtext("", side=3, outer=TRUE, line=-3, cex=1.25)

# 2.2.5 Individuenzahl pro Min UZL-Arten----
shapiro.test(rstandard(aov(data_wiese$anz.ind.min.uzl.~data_weide$anz.ind.min.uzl.)))
# w = 0.9044, p-value = 0.09455
t.test(data_wiese$anz.ind.min.uzl.,data_weide$anz.ind.min.uzl., paired = TRUE)
# p-value = 0.5131 => ns
boxplot(data_wiese$anz.ind.min.uzl.,data_weide$anz.ind.min.uzl.,ylim=c(-0.4,5),boxwex =
0.4, cex.axis=1.1,cex.lab=1.2)
abline(h = c(0,1,2,3,4,5,6,7,8), lty = 'dotted', col = 'darkgrey', cex=0.2)
par(new=TRUE)
boxplot(data_wiese$anz.ind.min.uzl.,data_weide$anz.ind.min.uzl.,axis=FALSE ,ylim=c(-
0.4,5),boxwex = 0.4, col=c("darkorange2","deepskyblue3"),
        ylab="Anzahl Individuen UZL-Arten / min", xlab="BFF",cex.axis=1.1,cex.lab=1.2)
axis(1,at=seq(1,2,by=1), labels=c("wiese","weide"))
text(1.5,4.8,"ns", cex = 0.8)
text(1.5,4.15,"p = 0.082", cex = 0.8)
text(1,-0.4,"n=8", cex = 0.8)
text(2,-0.4,"n=8", cex = 0.8)
segments(x0=1,y0=4.5,x1=2,y1=4.5)
segments(x0=1,y0=4.5,x1=1,y1=4.25)
segments(x0=2,y0=4.5,x1=2,y1=4.25)
mtext("", side=3, outer=TRUE, line=-3, cex=1.25)

# 2.2.6 Individuenzahl pro Min RL-Arten----
shapiro.test(rstandard(aov(data_wiese$anz.ind.min.rl.tot.~data_weide$anz.ind.min.rl.tot.
)))
# w = 0.73895, p-value = 0.0004691
t.test(data_wiese$anz.ind.min.rl.tot.,data_weide$anz.ind.min.rl.tot., paired = TRUE)
# p-value = 0.1964 => ns
boxplot(data_wiese$anz.ind.min.rl.tot.,data_weide$anz.ind.min.rl.tot.,ylim=c(-
0.4,4),boxwex = 0.4, cex.axis=1.1,cex.lab=1.2)
abline(h = c(0,1,2,3,4,5,6,7,8), lty = 'dotted', col = 'darkgrey', cex=0.2)
par(new=TRUE)
boxplot(data_wiese$anz.ind.min.rl.tot.,data_weide$anz.ind.min.rl.tot.,axis=FALSE
,ylim=c(-0.4,4),boxwex = 0.4, col=c("darkorange2","deepskyblue3"),
        ylab="Anzahl Individuen RL-Arten / min", xlab="BFF",cex.axis=1.1,cex.lab=1.2)
axis(1,at=seq(1,2,by=1), labels=c("wiese","weide"))
text(1.5,3.8,"ns", cex = 0.8)
text(1.5,3.3,"p = 0.196", cex = 0.8)
text(1,-0.4,"n=8", cex = 0.8)
text(2,-0.4,"n=8", cex = 0.8)
segments(x0=1,y0=3.6,x1=2,y1=3.6)
segments(x0=1,y0=3.6,x1=1,y1=3.4)
segments(x0=2,y0=3.6,x1=2,y1=3.4)
mtext("", side=3, outer=TRUE, line=-3, cex=1.25)

#...----
# 2.3 QI-Wiese / QII-Wiese / QI-Weide / QII-Weide----
dev.off()
par(mfrow=c(3,2))
Daten_BA_1$cat.nutz.bff.reorder <- factor(Daten_BA_1$cat.nutz.bff. , levels=c("WIQ1",
"WIQ2", "WEQ1", "WEQ2"))

# 2.3.1 Artenzahl total----
shapiro.test(rstandard(aov(Daten_BA_1$anz.art.~Daten_BA_1$cat.nutz.bff.)))
# w = 0.96313, p-value = 0.3337
bartlett.test(Daten_BA_1$anz.art.,Daten_BA_1$cat.nutz.bff.)
# Bartlett's K-squared = 0.67813, df = 3, p-value = 0.8783
summary(aov(Daten_BA_1$anz.art.~Daten_BA_1$cat.nutz.bff.))
# Daten_BA_1$cat.nutz.bff. 3 11.59 3.865 0.877 Pr(<F) = 0.465
TukeyHSD(aov(Daten_BA_1$anz.art.~Daten_BA_1$cat.nutz.bff.))
boxplot(Daten_BA_1$anz.art.~Daten_BA_1$cat.nutz.bff.reorder,axis=FALSE
,ylim=c(0,16),boxwex = 0.4,
        ylab="Anzahl Arten", xlab="BFF-Typ",cex.axis=1.1,cex.lab=1.2)
abline(h = c(0:16), lty = 'dotted', col = 'lightgrey', cex=0.2)
par(new=TRUE)

```

```

boxplot(Daten_BA_1$anz.art.~Daten_BA_1$cat.nutz.bff.reorder,axis=FALSE
,ylim=c(0,16),boxwex = 0.4,
        col=c("darkgoldenrod1","darkorange2","darkslategray2","deepskyblue3"),
        ylab="Anzahl Arten", xlab="BFF-Typ",cex.axis=1.1,cex.lab=1.2)
text(1,0.4,"n=8", cex = 0.8)
text(2,0.4,"n=8", cex = 0.8)
text(3,0.4,"n=8", cex = 0.8)
text(4,0.4,"n=8", cex = 0.8)

# 2.3.2 Artenzahl UZL-Arten----
par(mfrow=c(1,2))
shapiro.test(rstandard(aov(Daten_BA_1$anz.uzl.art.~Daten_BA_1$cat.nutz.bff.)))
# W = 0.97664, p-value = 0.6977
bartlett.test(Daten_BA_1$anz.uzl.art.,Daten_BA_1$cat.nutz.bff.)
# Bartlett's K-squared = 0.78383, df = 3, p-value = 0.8533
summary(aov(Daten_BA_1$anz.uzl.art.~Daten_BA_1$cat.nutz.bff.))
# Daten_BA_1$cat.nutz.bff. 3 10.59 3.531 1.042 Pr(<F) = 0.389
TukeyHSD(aov(Daten_BA_1$anz.uzl.art.~Daten_BA_1$cat.nutz.bff.))
boxplot(Daten_BA_1$anz.uzl.art.~Daten_BA_1$cat.nutz.bff.reorder,axis=FALSE ,ylim=c(-
0.5,8),boxwex = 0.4,
        ylab="Anzahl UZL-Arten", xlab="BFF",cex.axis=1.1,cex.lab=1.2)
abline(h = c(0:16), lty = 'dotted', col = 'darkgrey', cex=0.2)
par(new=TRUE)
boxplot(Daten_BA_1$anz.uzl.art.~Daten_BA_1$cat.nutz.bff.reorder,axis=FALSE ,ylim=c(-
0.5,8),boxwex = 0.4,
        col=c("darkgoldenrod1","darkorange2","darkslategray2","deepskyblue3"),
        ylab="Anzahl UZL-Arten", xlab="BFF",cex.axis=1.1,cex.lab=1.2)
text(1,-0.4,"n=8", cex = 0.8)
text(2,-0.4,"n=8", cex = 0.8)
text(3,-0.4,"n=8", cex = 0.8)
text(4,-0.4,"n=8", cex = 0.8)

# 2.3.3 Artenzahl RL-Arten----
shapiro.test(rstandard(aov(Daten_BA_1$anz.rl.tot.~Daten_BA_1$cat.nutz.bff.)))
# W = 0.94052, p-value = 0.07746
bartlett.test(Daten_BA_1$anz.rl.tot.,Daten_BA_1$cat.nutz.bff.)
# Bartlett's K-squared = 0.33683, df = 3, p-value = 0.953
summary(aov(Daten_BA_1$anz.rl.tot.~Daten_BA_1$cat.nutz.bff.))
# Daten_BA_1$cat.nutz.bff. 3 11.12 3.708 2.175 Pr(<F) = 0.113
TukeyHSD(aov(Daten_BA_1$anz.rl.tot.~Daten_BA_1$cat.nutz.bff.))
boxplot(Daten_BA_1$anz.rl.tot.~Daten_BA_1$cat.nutz.bff.reorder,axis=FALSE ,ylim=c(-
0.5,6),boxwex = 0.4,
        ylab="Anzahl RL-Arten", xlab="BFF-Typ",cex.axis=1.1,cex.lab=1.2)
abline(h = c(0:16), lty = 'dotted', col = 'lightgrey', cex=0.2)
par(new=TRUE)
boxplot(Daten_BA_1$anz.rl.tot.~Daten_BA_1$cat.nutz.bff.reorder,axis=FALSE ,ylim=c(-
0.5,6),boxwex = 0.4,
        col=c("darkgoldenrod1","darkorange2","darkslategray2","deepskyblue3"),
        ylab="Anzahl RL-Arten", xlab="BFF-Typ",cex.axis=1.1,cex.lab=1.2)
text(1,-0.4,"n=8", cex = 0.8)
text(2,-0.4,"n=8", cex = 0.8)
text(3,-0.4,"n=8", cex = 0.8)
text(4,-0.4,"n=8", cex = 0.8)

# 2.3.4 Individuenzahl pro Min----
shapiro.test(rstandard(aov(Daten_BA_1$anz.ind.min.~Daten_BA_1$cat.nutz.bff.)))
# W = 0.93555, p-value = 0.05601
bartlett.test(Daten_BA_1$anz.ind.min.,Daten_BA_1$cat.nutz.bff.)
# Bartlett's K-squared = 2.1928, df = 3, p-value = 0.5334
summary(aov(Daten_BA_1$anz.ind.min.~Daten_BA_1$cat.nutz.bff.))
# Daten_BA_1$cat.nutz.bff. 3 1.289 0.4296 0.443 Pr(>F) = 0.724
TukeyHSD(aov(Daten_BA_1$anz.ind.min.~Daten_BA_1$cat.nutz.bff.))
boxplot(Daten_BA_1$anz.ind.min.~Daten_BA_1$cat.nutz.bff.reorder,axis=FALSE
,ylim=c(0,7),boxwex = 0.4,
        ylab="Anzahl Individuen / min", xlab="BFF-Typ",cex.axis=1.1,cex.lab=1.2)
abline(h = c(0:16), lty = 'dotted', col = 'lightgrey', cex=0.2)
par(new=TRUE)
boxplot(Daten_BA_1$anz.ind.min.~Daten_BA_1$cat.nutz.bff.reorder,axis=FALSE
,ylim=c(0,7),boxwex = 0.4,
        col=c("darkgoldenrod1","darkorange2","darkslategray2","deepskyblue3"),
        ylab="Anzahl Individuen / min", xlab="BFF-Typ",cex.axis=1.1,cex.lab=1.2)
text(1,0.4,"n=8", cex = 0.8)
text(2,0.4,"n=8", cex = 0.8)
text(3,0.4,"n=8", cex = 0.8)
text(4,0.4,"n=8", cex = 0.8)

# 2.3.5 Individuenzahl pro Min UZL-Arten----
shapiro.test(rstandard(aov(Daten_BA_1$anz.ind.min.uzl.~Daten_BA_1$cat.nutz.bff.)))
# W = 0.9797, p-value = 0.7909
bartlett.test(Daten_BA_1$anz.ind.min.uzl.,Daten_BA_1$cat.nutz.bff.)

```



```
# Bartlett's K-squared = 0.33492, df = 3, p-value = 0.9533
summary(aov(Daten_BA_1$anz.ind.min.uzl.~Daten_BA_1$cat.nutz.bff.))
# Daten_BA_1$cat.nutz.bff. 3 0.652 0.2173 0.302 Pr(>F) 0.824
TukeyHSD(aov(Daten_BA_1$anz.ind.min.uzl.~Daten_BA_1$cat.nutz.bff.))
boxplot(Daten_BA_1$anz.ind.min.uzl.~Daten_BA_1$cat.nutz.bff.reorder,axis=FALSE,ylim=c(-0.25,4),boxwex = 0.4,
        ylab="Anzahl Individuen UZL-Arten / min", xlab="BFF",cex.axis=1.1,cex.lab=1.2)
abline(h = c(0:16), lty = 'dotted', col = 'darkgrey', cex=0.2)
par(new=TRUE)
boxplot(Daten_BA_1$anz.ind.min.uzl.~Daten_BA_1$cat.nutz.bff.reorder,axis=FALSE,ylim=c(-0.25,4),boxwex = 0.4,
        col=c("darkgoldenrod1","darkorange2","darkslategray2","deepskyblue3"),
        ylab="Anzahl Individuen UZL-Arten / min", xlab="BFF",cex.axis=1.1,cex.lab=1.2)
text(1,-0.2,"n=8", cex = 0.8)
text(2,-0.2,"n=8", cex = 0.8)
text(3,-0.2,"n=8", cex = 0.8)
text(4,-0.2,"n=8", cex = 0.8)
```

2.3.6 Individuenzahl pro Min RL-Arten----

```
shapiro.test(rstandard(aov(Daten_BA_1$anz.ind.min.rl.tot.~Daten_BA_1$cat.nutz.bff.)))
# W = 0.89631, p-value = 0.004996
bartlett.test(Daten_BA_1$anz.ind.min.rl.tot.,Daten_BA_1$cat.nutz.bff.)
# Bartlett's K-squared = 9.4265, df = 3, p-value = 0.02413
summary(aov(Daten_BA_1$anz.ind.min.rl.tot.~Daten_BA_1$cat.nutz.bff.))
# Daten_BA_1$cat.nutz.bff. 3 1.281 0.4270 1.598 Pr(>F) 0.212
TukeyHSD(aov(Daten_BA_1$anz.ind.min.rl.tot.~Daten_BA_1$cat.nutz.bff.))
boxplot(Daten_BA_1$anz.ind.min.rl.tot.~Daten_BA_1$cat.nutz.bff.reorder,axis=FALSE,ylim=c(-0.25,3),boxwex = 0.4,
        ylab="Anzahl Individuen RL-Arten / min", xlab="BFF-
Typ",cex.axis=1.1,cex.lab=1.2)
abline(h = c(0:16), lty = 'dotted', col = 'lightgrey', cex=0.2)
par(new=TRUE)
boxplot(Daten_BA_1$anz.ind.min.rl.tot.~Daten_BA_1$cat.nutz.bff.reorder,axis=FALSE,ylim=c(-0.25,3),boxwex = 0.4,
        col=c("darkgoldenrod1","darkorange2","darkslategray2","deepskyblue3"),
        ylab="Anzahl Individuen RL-Arten / min", xlab="BFF-
Typ",cex.axis=1.1,cex.lab=1.2)
text(1,-0.2,"n=8", cex = 0.8)
text(2,-0.2,"n=8", cex = 0.8)
text(3,-0.2,"n=8", cex = 0.8)
text(4,-0.2,"n=8", cex = 0.8)
```

```
#...----
```

```
#...----
```

3. IndVal----

```
install.packages("indicpecies")
library(indicpecies)
```

3.1 QI / QII----

```
IndVal1=multipatt(data_IndVal,Daten_BA_1$bff.cat.,control = how(nperm=999))
IndVal1
summary(IndVal1)
```

3.2 Weide / Wiese----

```
IndVal2=multipatt(data_IndVal,Daten_BA_1$nutz.cat.,control = how(nperm=999))
IndVal2
summary(IndVal2)
```

3.3 QI-Weide / QII-Weide / QI-Wiese / QII-Wiese----

```
IndVal3=multipatt(data_IndVal,Daten_BA_1$cat.nutz.bff.,control = how(nperm=999))
IndVal3
summary(IndVal3)
```

3.4 Altgrasstreifen----

```
IndVal4=multipatt(data_IndVal,Daten_BA_1$altgr.,control = how(nperm=999))
IndVal4
summary(IndVal4)
```

```
#...----
```

```
#...----
```

4 General linear mixed model----

```
install.packages("lme4")
install.packages("ggplot2")
install.packages("lmerTest")
install.packages("MuMIn")
install.packages("blmeco")
install.packages("nlme")
install.packages("polypoly")
```

```

library(lme4)
library(ggplot2)
library(lmerTest)
library(MuMIn)
library(blme)
library(nlme)
library(polypoly)

#...----
# 4.1 Verteilung anschauen----
shapiro.test(Daten_BA_1$anz.art.)
hist(Daten_BA_1$anz.art.)
# w = 0.96582, p-value = 0.3927

shapiro.test(Daten_BA_1$anz.uzl.art.)
hist(Daten_BA_1$anz.uzl.art.)
# w = 0.95731, p-value = 0.2315

shapiro.test(Daten_BA_1$anz.rl.tot.)
hist(Daten_BA_1$anz.rl.tot.)
# w = 0.89046, p-value = 0.003571

shapiro.test(Daten_BA_1$anz.ind.min.)
hist(Daten_BA_1$anz.ind.min.)
# w = 0.93439, p-value = 0.05199

shapiro.test(Daten_BA_1$anz.ind.min.uzl.)
hist(Daten_BA_1$anz.ind.min.uzl.)
# w = 0.96712, p-value = 0.424

shapiro.test(Daten_BA_1$anz.ind.min.rl.tot.)
hist(Daten_BA_1$anz.ind.min.rl.tot.)
# w = 0.82363, p-value = 0.0001171

shapiro.test(Daten_BA_1$anz.ind.)
hist(Daten_BA_1$anz.ind.)
# w = 0.82363, p-value = 0.2526

shapiro.test(Daten_BA_1$anz.ind.uzl.)
hist(Daten_BA_1$anz.ind.uzl.)
# w = 0.82363, p-value = 0.1876

shapiro.test(Daten_BA_1$anz.ind.rl.tot.)
hist(Daten_BA_1$anz.ind.rl.tot.)
# w = 0.82363, p-value = 0.0001632

#...----
# 4.2 Mixed models mit einzelnen Variablen (Veg.h usw.)----
poly.cov.streu=poly(Daten_BA_1$cov.streu,2)
Daten_BA_1$cov.streu1=as.numeric(poly.cov.streu[,1])
Daten_BA_1$cov.streu2=as.numeric(poly.cov.streu[,2])

poly.veg.h.mean=poly(Daten_BA_1$veg.h.mean,2)
Daten_BA_1$veg.h.mean1=as.numeric(poly.veg.h.mean[,1])
Daten_BA_1$veg.h.mean2=as.numeric(poly.veg.h.mean[,2])

poly.cov.ww.=poly(Daten_BA_1$cov.ww.,2)
Daten_BA_1$cov.ww.1=as.numeric(poly.cov.ww.[,1])
Daten_BA_1$cov.ww.2=as.numeric(poly.cov.ww.[,2])

poly.cov.veg.tot.=poly(Daten_BA_1$cov.veg.tot.,2)
Daten_BA_1$cov.veg.tot.1=as.numeric(poly.cov.veg.tot.[,1])
Daten_BA_1$cov.veg.tot.2=as.numeric(poly.cov.veg.tot.[,2])

# 4.2.1 Artenzahl----
modell=glmer(Daten_BA_1$anz.art.~Daten_BA_1$dauer+(1|untg_id),data=Daten_BA_1,
family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# signifikant => dauer für dredge verwenden

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.art.~Daten_BA_1$veg.h.mean+(1|untg_id),data=Daten_BA_1,
family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# knapp nicht signifikant (0.0579) => trotzdem veg.h.mean behalten für Dredge

```

```
modell=glmer(Daten_BA_1$anz.art.~Daten_BA_1$veg.h.mean1+veg.h.mean2+(1|untg_id),data=Daten_BA_1, family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# nur veg.h.mean.1 signifikant => verwerfen

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.art.~Daten_BA_1$veg.h.min+(1|untg_id),data=Daten_BA_1, family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# nicht signifikant => verwerfen

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.art.~Daten_BA_1$veg.h.max+(1|untg_id),data=Daten_BA_1, family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# signifikant => veg.h.max. behalten für Dredge

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.art.~Daten_BA_1$veg.h.dif.+(1|untg_id),data=Daten_BA_1, family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# knapp nicht signifikant (0.0789) => trotzdem veg.h.dif. behalten für Dredge

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.art.~Daten_BA_1$cov.veg.tot.+(1|untg_id),data=Daten_BA_1, family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# signifikant => cov.veg.tot. behalten für Dredge

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.art.~Daten_BA_1$cov.veg.tot.1+cov.veg.tot.2+(1|untg_id),data=Daten_BA_1, family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# nur cov.veg.tot.1 signifikant => verwerfen

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.art.~Daten_BA_1$cov.baum+(1|untg_id),data=Daten_BA_1, family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# nicht signifikant => verwerfen

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.art.~Daten_BA_1$cov.geb.+(1|untg_id),data=Daten_BA_1, family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# nicht signifikant => verwerfen

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.art.~Daten_BA_1$cov.ww.+(1|untg_id),data=Daten_BA_1, family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# signifikant => cov.ww. behalten für Dredge

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.art.~Daten_BA_1$cov.ww.1+cov.ww.2+(1|untg_id),data=Daten_BA_1, family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# nur cov.ww.1 signifikant => verwerfen

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.art.~Daten_BA_1$cov.streu+(1|untg_id),data=Daten_BA_1, family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# signifikant => cov.streu behalten für Dredge

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.art.~Daten_BA_1$cov.streu1+cov.streu2+(1|untg_id),data=Daten_BA_1, family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
```



```
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# streu1 und streu2 nicht verwenden

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.art.~Daten_BA_1$cov.toth.+(1|untg_id),data=Daten_BA_1,
family=poisson, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# nicht signifikant => verwerfen

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.art.~Daten_BA_1$cov.stein+(1|untg_id),data=Daten_BA_1,
family=poisson, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# nicht signifikant => verwerfen

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.art.~Daten_BA_1$cov.kies+(1|untg_id),data=Daten_BA_1,
family=poisson, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# nicht signifikant => verwerfen

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.art.~Daten_BA_1$cov.f.bod.+(1|untg_id),data=Daten_BA_1,
family=poisson, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# nicht signifikant => verwerfen

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.art.~Daten_BA_1$ant.bff.gf.untg.+(1|untg_id),data=Daten_BA_1,
family=poisson, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# nicht signifikant => verwerfen

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.art.~Daten_BA_1$ant.bff.ln.untg.+(1|untg_id),data=Daten_BA_1,
family=poisson, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# knapp nicht signifikant (0.106) => trotzdem ant.bff.ln.untg. für Dredge verwenden

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.art.~Daten_BA_1$ant.ln.gf.untg.+(1|untg_id),data=Daten_BA_1,
family=poisson, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# nicht signifikant => verwerfen

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.art.~Daten_BA_1$ant.wald.gf.untg.+(1|untg_id),data=Daten_BA_1,
family=poisson, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# nicht signifikant => verwerfen

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.art.~Daten_BA_1$ant.gew.gf.untg.+(1|untg_id),data=Daten_BA_1,
family=poisson, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# nicht signifikant => verwerfen

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.art.~Daten_BA_1$ant.bauz.gf.untg.+(1|untg_id),data=Daten_BA_1,
family=poisson, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# nicht signifikant => verwerfen

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.art.~Daten_BA_1$ant.geb.gf.untg.+(1|untg_id),data=Daten_BA_1,
family=poisson, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# nicht signifikant => verwerfen
```

```

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.art.~Daten_BA_1$ant.str.gf.untg.+(1|untg_id),data=Daten_BA_1,
, family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# nicht signifikant => verwerfen

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.art.~Daten_BA_1$ant.eis.gf.untg.+(1|untg_id),data=Daten_BA_1,
, family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# nicht signifikant => verwerfen

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.art.~Daten_BA_1$ant.dep.gf.untg.+(1|untg_id),data=Daten_BA_1,
, family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# nicht signifikant => verwerfen

# 4.2.2 Artenzahl UZL-Arten----
modell=glmer(Daten_BA_1$anz.uzl.art.~Daten_BA_1$dauer+(1|untg_id),data=Daten_BA_1,
family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# signifikant => dauer für dredge verwenden

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.uzl.art.~Daten_BA_1$veg.h.mean+(1|untg_id),data=Daten_BA_1,
family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# nicht signifikant => verwerfen

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.uzl.art.~Daten_BA_1$veg.h.mean1+veg.h.mean2+(1|untg_id),data=
=Daten_BA_1, family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# nicht signifikant => verwerfen

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.uzl.art.~Daten_BA_1$veg.h.min+(1|untg_id),data=Daten_BA_1,
family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# nicht signifikant => verwerfen

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.uzl.art.~Daten_BA_1$veg.h.max+(1|untg_id),data=Daten_BA_1,
family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# signifikant => veg.h.max. behalten für Dredge

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.uzl.art.~Daten_BA_1$veg.h.dif.+(1|untg_id),data=Daten_BA_1,
family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# signifikant => veg.h.dif. behalten für Dredge

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.uzl.art.~Daten_BA_1$cov.veg.tot.+(1|untg_id),data=Daten_BA_1,
, family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# signifikant => cov.veg.tot. behalten für Dredge

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.uzl.art.~Daten_BA_1$cov.veg.tot.1+cov.veg.tot.2+(1|untg_id),
data=Daten_BA_1, family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# beide signifikant => cov.veg.tot.1 und 2 für dredge verwenden

```

```
modell=glmer(Daten_BA_1$anz.uzl.art.~Daten_BA_1$cov.baum+(1|untg_id),data=Daten_BA_1,
family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# nicht signifikant => verwerfen

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.uzl.art.~Daten_BA_1$cov.geb.+(1|untg_id),data=Daten_BA_1,
family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# nicht signifikant => verwerfen

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.uzl.art.~Daten_BA_1$cov.ww.+(1|untg_id),data=Daten_BA_1,
family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# signifikant => cov.ww. behalten für Dredge

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.uzl.art.~Daten_BA_1$cov.ww.1+cov.ww.2+(1|untg_id),data=Daten
_BA_1, family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# signifikant => cov.ww.1 und cov.ww.2 für Dredge behalten

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.uzl.art.~Daten_BA_1$cov.streu+(1|untg_id),data=Daten_BA_1,
family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# signifikant => cov.streu behalten für Dredge

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.uzl.art.~Daten_BA_1$cov.streu1+cov.streu2+(1|untg_id),data=D
aten_BA_1, family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# streu1 und streu2 signifikant => behalten für Dredge

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.uzl.art.~Daten_BA_1$cov.toth.+(1|untg_id),data=Daten_BA_1,
family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# nicht signifikant => verwerfen

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.uzl.art.~Daten_BA_1$cov.stein+(1|untg_id),data=Daten_BA_1,
family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# nicht signifikant => verwerfen

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.uzl.art.~Daten_BA_1$cov.kies+(1|untg_id),data=Daten_BA_1,
family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# nicht signifikant => verwerfen

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.uzl.art.~Daten_BA_1$cov.f.bod.+(1|untg_id),data=Daten_BA_1,
family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# nicht signifikant => verwerfen

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.uzl.art.~Daten_BA_1$ant.bff.gf.untg.+(1|untg_id),data=Daten_
BA_1, family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# knapp nicht signifikant (0.0518) => trotzdem ant.bff.gf.untg. für Dredge verwenden

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.uzl.art.~Daten_BA_1$ant.bff.ln.untg.+(1|untg_id),data=Daten_
BA_1, family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
```

```

qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# knapp nicht signifikant (0.088) => trotzdem ant.bff.ln.untg. für Dredge verwenden

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.uzl.art.~Daten_BA_1$ant.ln.gf.untg.+(1|untg_id),data=Daten_BA_1, family=poisson, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# nicht signifikant => verwerfen

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.uzl.art.~Daten_BA_1$ant.wald.gf.untg.+(1|untg_id),data=Daten_BA_1, family=poisson, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# nicht signifikant => verwerfen

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.uzl.art.~Daten_BA_1$ant.gew.gf.untg.+(1|untg_id),data=Daten_BA_1, family=poisson, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# nicht signifikant => verwerfen

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.uzl.art.~Daten_BA_1$ant.bauz.gf.untg.+(1|untg_id),data=Daten_BA_1, family=poisson, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# nicht signifikant => verwerfen

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.uzl.art.~Daten_BA_1$ant.geb.gf.untg.+(1|untg_id),data=Daten_BA_1, family=poisson, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# nicht signifikant => verwerfen

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.uzl.art.~Daten_BA_1$ant.str.gf.untg.+(1|untg_id),data=Daten_BA_1, family=poisson, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# nicht signifikant => verwerfen

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.uzl.art.~Daten_BA_1$ant.eis.gf.untg.+(1|untg_id),data=Daten_BA_1, family=poisson, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# nicht signifikant => verwerfen

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.uzl.art.~Daten_BA_1$ant.dep.gf.untg.+(1|untg_id),data=Daten_BA_1, family=poisson, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# nicht signifikant => verwerfen

# 4.2.3 Artenzahl RL-Arten----
modell=glmer(Daten_BA_1$anz.rl.tot.~Daten_BA_1$dauer+(1|untg_id),data=Daten_BA_1, family=poisson, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# signifikant => dauer für Dredge verwenden

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.rl.tot.~Daten_BA_1$veg.h.mean+(1|untg_id),data=Daten_BA_1, family=poisson, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# signifikant => veg.h.mean für Dredge verwenden

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.rl.tot.~Daten_BA_1$veg.h.mean1+veg.h.mean2+(1|untg_id),data=Daten_BA_1, family=poisson, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))

```

```
# nur veg.h.mean1 signifikant => verwerfen
```

```
modell=glmer(Daten_BA_1$anz.rl.tot.~Daten_BA_1$veg.h.min+(1|untg_id),data=Daten_BA_1,
family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# nicht signifikant => verwerfen
```

```
modell=glmer(Daten_BA_1$anz.rl.tot.~Daten_BA_1$veg.h.max+(1|untg_id),data=Daten_BA_1,
family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# signifikant => veg.h.max. behalten für Dredge
```

```
modell=glmer(Daten_BA_1$anz.rl.tot.~Daten_BA_1$veg.h.dif.+(1|untg_id),data=Daten_BA_1,
family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# signifikant => veg.h.dif. behalten für Dredge
```

```
modell=glmer(Daten_BA_1$anz.rl.tot.~Daten_BA_1$cov.veg.tot.+(1|untg_id),data=Daten_BA_1,
family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# signifikant => cov.veg.tot. behalten für Dredge
```

```
modell=glmer(Daten_BA_1$anz.rl.tot.~Daten_BA_1$cov.veg.tot.1+cov.veg.tot.2+(1|untg_id),d
ata=Daten_BA_1, family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# beide signifikant => cov.veg.tot.1 und 2 für dredge verwenden
```

```
modell=glmer(Daten_BA_1$anz.rl.tot.~Daten_BA_1$cov.baum+(1|untg_id),data=Daten_BA_1,
family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# nicht signifikant => verwerfen
```

```
modell=glmer(Daten_BA_1$anz.rl.tot.~Daten_BA_1$cov.geb.+(1|untg_id),data=Daten_BA_1,
family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# nicht signifikant => verwerfen
```

```
modell=glmer(Daten_BA_1$anz.rl.tot.~Daten_BA_1$cov.ww.+(1|untg_id),data=Daten_BA_1,
family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# signifikant => cov.ww. behalten für Dredge
```

```
modell=glmer(Daten_BA_1$anz.rl.tot.~Daten_BA_1$cov.ww.1+cov.ww.2+(1|untg_id),data=Daten_
BA_1, family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# signifikant => cov.ww.1 und cov.ww.2 für Dredge behalten
```

```
modell=glmer(Daten_BA_1$anz.rl.tot.~Daten_BA_1$cov.streu+(1|untg_id),data=Daten_BA_1,
family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# signifikant => cov.streu behalten für Dredge
```

```
modell=glmer(Daten_BA_1$anz.rl.tot.~Daten_BA_1$cov.streu1+cov.streu2+(1|untg_id),data=Da
ten_BA_1, family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# streu1 und streu2 signifikant => behalten für Dredge
```

```
modell=glmer(Daten_BA_1$anz.rl.tot.~Daten_BA_1$cov.toth.+(1|untg_id),data=Daten_BA_1,
family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# nicht signifikant => verwerfen

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.rl.tot.~Daten_BA_1$cov.stein+(1|untg_id),data=Daten_BA_1,
family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# signifikant => cov.stein für dredge verwenden

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.rl.tot.~Daten_BA_1$cov.kies+(1|untg_id),data=Daten_BA_1,
family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# nicht signifikant => verwerfen

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.rl.tot.~Daten_BA_1$cov.f.bod.+(1|untg_id),data=Daten_BA_1,
family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# nicht signifikant => verwerfen

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.rl.tot.~Daten_BA_1$ant.bff.gf.untg.+(1|untg_id),data=Daten_B
A_1, family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# signifikant => ant.bff.gf.untg. für Dredge verwenden

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.rl.tot.~Daten_BA_1$ant.bff.ln.untg.+(1|untg_id),data=Daten_B
A_1, family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# signifikant => ant.bff.ln.untg. für Dredge verwenden

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.rl.tot.~Daten_BA_1$ant.ln.gf.untg.+(1|untg_id),data=Daten_BA
_1, family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# nicht signifikant => verwerfen

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.rl.tot.~Daten_BA_1$ant.wald.gf.untg.+(1|untg_id),data=Daten_
BA_1, family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# nicht signifikant => verwerfen

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.rl.tot.~Daten_BA_1$ant.gew.gf.untg.+(1|untg_id),data=Daten_B
A_1, family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# nicht signifikant => verwerfen

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.rl.tot.~Daten_BA_1$ant.bauz.gf.untg.+(1|untg_id),data=Daten_
BA_1, family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# nicht signifikant => verwerfen

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.rl.tot.~Daten_BA_1$ant.geb.gf.untg.+(1|untg_id),data=Daten_B
A_1, family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# nicht signifikant => verwerfen

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.rl.tot.~Daten_BA_1$ant.str.gf.untg.+(1|untg_id),data=Daten_B
A_1, family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
```

```

qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# nicht signifikant => verwerfen

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.rl.tot.~Daten_BA_1$ant.eis.gf.untg.+(1|untg_id),data=Daten_BA_1, family=poisson, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# nicht signifikant => verwerfen

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.rl.tot.~Daten_BA_1$ant.dep.gf.untg.+(1|untg_id),data=Daten_BA_1, family=poisson, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# nicht signifikant => verwerfen

# 4.2.4 Individuenzahl----
modell=glmer(Daten_BA_1$anz.ind.~Daten_BA_1$dauer+(1|untg_id),data=Daten_BA_1, family=poisson, na.action='na.fail', control=glmerControl(optimizer="bobyqa",optCtrl=list(maxfun=2e5)))
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# signifikant => dauer behalten für Dredge

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.ind.~Daten_BA_1$veg.h.mean+(1|untg_id),data=Daten_BA_1, family=poisson, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# signifikant => veg.h.mean behalten für Dredge

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.ind.~Daten_BA_1$veg.h.mean1+veg.h.mean2+(1|untg_id),data=Daten_BA_1, family=poisson, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# nur veg.h.mean.1 signifikant => verwerfen

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.ind.~Daten_BA_1$veg.h.min+(1|untg_id),data=Daten_BA_1, family=poisson, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# signifikant => veg.h.min behalten für Dredge

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.ind.~Daten_BA_1$veg.h.max+(1|untg_id),data=Daten_BA_1, family=poisson, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# nicht signifikant => verwerfen

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.ind.~Daten_BA_1$veg.h.dif.+(1|untg_id),data=Daten_BA_1, family=poisson, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# signifikant => veg.h.dif. behalten für Dredge

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.ind.~Daten_BA_1$cov.veg.tot.+(1|untg_id),data=Daten_BA_1, family=poisson, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# nicht signifikant => verwerfen

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.ind.~Daten_BA_1$cov.veg.tot.1+cov.veg.tot.2+(1|untg_id),data=Daten_BA_1, family=poisson, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# nur cov.veg.tot.2 signifikant => behalten für Dredge

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.ind.~Daten_BA_1$cov.baum+(1|untg_id),data=Daten_BA_1, family=poisson, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))

```



```
qqline(resid(model1))
# nicht signifikant => verwerfen

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.ind.~Daten_BA_1$cov.geb.+(1|untg_id),data=Daten_BA_1,
family=poisson, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# nicht signifikant => verwerfen

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.ind.~Daten_BA_1$cov.ww.+(1|untg_id),data=Daten_BA_1,
family=poisson, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# nicht signifikant => verwerfen

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.ind.~Daten_BA_1$cov.ww.1+cov.ww.2+(1|untg_id),data=Daten_BA_1,
family=poisson, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# nur cov.ww.2 signifikant => behalten für Dredge

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.ind.~Daten_BA_1$cov.streu+(1|untg_id),data=Daten_BA_1,
family=poisson, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# nicht signifikant => verwerfen

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.ind.~Daten_BA_1$cov.streu1+cov.streu2+(1|untg_id),data=Daten_BA_1,
family=poisson, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# nur cov.streu2 signifikant => behalten für Dredge

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.ind.~Daten_BA_1$cov.toth.+(1|untg_id),data=Daten_BA_1,
family=poisson, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# nicht signifikant => verwerfen

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.ind.~Daten_BA_1$cov.stein+(1|untg_id),data=Daten_BA_1,
family=poisson, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# nicht signifikant => verwerfen

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.ind.~Daten_BA_1$cov.kies+(1|untg_id),data=Daten_BA_1,
family=poisson, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# signifikant => cov.kies behalten für Dredge

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.ind.~Daten_BA_1$cov.f.bod.+(1|untg_id),data=Daten_BA_1,
family=poisson, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# nicht signifikant => verwerfen

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.ind.~Daten_BA_1$ant.bff.gf.untg.+(1|untg_id),data=Daten_BA_1,
family=poisson, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# knapp nicht signifikant (0.0887) => ant.bff.gf.untg. behalten für Dredge

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.ind.~Daten_BA_1$ant.bff.ln.untg.+(1|untg_id),data=Daten_BA_1,
family=poisson, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# knapp nicht signifikant (0.0827) => ant.bff.ln.untg. behalten für Dredge
```



```

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.ind.~Daten_BA_1$ant.ln.gf.untg.+(1|untg_id),data=Daten_BA_1,
family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# nicht signifikant => verwerfen

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.ind.~Daten_BA_1$ant.wald.gf.untg.+(1|untg_id),data=Daten_BA_1,
family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# nicht signifikant => verwerfen

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.ind.~Daten_BA_1$ant.gew.gf.untg.+(1|untg_id),data=Daten_BA_1,
family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# nicht signifikant => verwerfen

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.ind.~Daten_BA_1$ant.bauz.gf.untg.+(1|untg_id),data=Daten_BA_1,
family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# nicht signifikant => verwerfen

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.ind.~Daten_BA_1$ant.geb.gf.untg.+(1|untg_id),data=Daten_BA_1,
family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# nicht signifikant => verwerfen

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.ind.~Daten_BA_1$ant.str.gf.untg.+(1|untg_id),data=Daten_BA_1,
family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# nicht signifikant => verwerfen

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.ind.~Daten_BA_1$ant.eis.gf.untg.+(1|untg_id),data=Daten_BA_1,
family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# signifikant => ant.eis.gf.untg. für dredge verwenden

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.ind.~Daten_BA_1$ant.dep.gf.untg.+(1|untg_id),data=Daten_BA_1,
family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# nicht signifikant => verwerfen

# 4.2.5 Individuenzahl UZL-Arten----
modell=glmer(Daten_BA_1$anz.ind.uzl.~Daten_BA_1$dauer+(1|untg_id),data=Daten_BA_1,
family=poisson, na.action='na.fail',
control=glmerControl(optimizer="bobyqa",optCtrl=list(maxfun=2e5)))
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# signifikant => dauer behalten für Dredge

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.ind.uzl.~Daten_BA_1$veg.h.mean+(1|untg_id),data=Daten_BA_1,
family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# nicht signifikant => verwerfen

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.ind.uzl.~Daten_BA_1$veg.h.mean1+veg.h.mean2+(1|untg_id),data=
Daten_BA_1, family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# nur veg.h.mean2 knapp signifikant (0.051) => trotzdem für Dredge verwenden

```

```
modell=glmer(Daten_BA_1$anz.ind.uzl.~Daten_BA_1$veg.h.min+(1|untg_id),data=Daten_BA_1,
family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# signifikant => veg.h.min behalten für Dredge

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.ind.uzl.~Daten_BA_1$veg.h.max+(1|untg_id),data=Daten_BA_1,
family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# signifikant => veg.h.max behalten für Dredge

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.ind.uzl.~Daten_BA_1$veg.h.dif.+(1|untg_id),data=Daten_BA_1,
family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# signifikant => veg.h.dif. behalten für Dredge

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.ind.uzl.~Daten_BA_1$cov.veg.tot.+(1|untg_id),data=Daten_BA_1,
family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# signifikant => cov.veg.tot. behalten für Dredge

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.ind.uzl.~Daten_BA_1$cov.veg.tot.1+cov.veg.tot.2+(1|untg_id),
data=Daten_BA_1, family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# beide signifikant => cov.veg.tot.1+cov.veg.tot.2 behalten für Dredge

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.ind.uzl.~Daten_BA_1$cov.baum+(1|untg_id),data=Daten_BA_1,
family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# nicht signifikant => verwerfen

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.ind.uzl.~Daten_BA_1$cov.geb.+(1|untg_id),data=Daten_BA_1,
family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# knapp nicht signifikant (0.0698) => trotzdem cov.geb. verwenden für dredge

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.ind.uzl.~Daten_BA_1$cov.ww.+(1|untg_id),data=Daten_BA_1,
family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# signifikant => cov.ww. behalten für Dredge

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.ind.uzl.~Daten_BA_1$cov.ww.1+cov.ww.2+(1|untg_id),data=Daten
_BA_1, family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# beide signifikant => cov.ww.1+cov.ww.2 behalten für Dredge

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.ind.uzl.~Daten_BA_1$cov.streu+(1|untg_id),data=Daten_BA_1,
family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# signifikant => cov.streu behalten für Dredge

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.ind.uzl.~Daten_BA_1$cov.streu1+cov.streu2+(1|untg_id),data=D
aten_BA_1, family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# beide signifikant => cov.streu1+cov.streu2 behalten für Dredge

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.ind.uzl.~Daten_BA_1$cov.toth.+(1|untg_id),data=Daten_BA_1,
family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
```

```
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# nicht signifikant => verwerfen

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.ind.uzl.~Daten_BA_1$cov.stein+(1|untg_id),data=Daten_BA_1,
family=poisson, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# signifikant => cov.stein behalten für Dredge

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.ind.uzl.~Daten_BA_1$cov.kies+(1|untg_id),data=Daten_BA_1,
family=poisson, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# signifikant => cov.kies behalten für Dredge

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.ind.uzl.~Daten_BA_1$cov.f.bod.+(1|untg_id),data=Daten_BA_1,
family=poisson, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# nicht signifikant => verwerfen

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.ind.uzl.~Daten_BA_1$ant.bff.gf.untg.+(1|untg_id),data=Daten_
BA_1, family=poisson, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# signifikant => ant.bff.gf.untg. behalten für Dredge

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.ind.uzl.~Daten_BA_1$ant.bff.ln.untg.+(1|untg_id),data=Daten_
BA_1, family=poisson, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# knapp nicht signifikant (0.0574) => ant.bff.ln.untg. behalten für Dredge

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.ind.uzl.~Daten_BA_1$ant.ln.gf.untg.+(1|untg_id),data=Daten_B
A_1, family=poisson, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# nicht signifikant => verwerfen

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.ind.uzl.~Daten_BA_1$ant.wald.gf.untg.+(1|untg_id),data=Daten
_BA_1, family=poisson, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# nicht signifikant => verwerfen

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.ind.uzl.~Daten_BA_1$ant.gew.gf.untg.+(1|untg_id),data=Daten_
BA_1, family=poisson, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# nicht signifikant => verwerfen

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.ind.uzl.~Daten_BA_1$ant.bauz.gf.untg.+(1|untg_id),data=Daten
_BA_1, family=poisson, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# nicht signifikant => verwerfen

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.ind.uzl.~Daten_BA_1$ant.geb.gf.untg.+(1|untg_id),data=Daten_
BA_1, family=poisson, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# nicht signifikant => verwerfen

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.ind.uzl.~Daten_BA_1$ant.str.gf.untg.+(1|untg_id),data=Daten_
BA_1, family=poisson, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# nicht signifikant => verwerfen
```

```

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.ind.uzl.~Daten_BA_1$ant.eis.gf.untg.+(1|untg_id),data=Daten_
BA_1, family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# nicht signifikant => verwerfen

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.ind.uzl.~Daten_BA_1$ant.dep.gf.untg.+(1|untg_id),data=Daten_
BA_1, family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# nicht signifikant => verwerfen

# 4.2.5 Individuenzahl RL-Arten----
modell=glmer(Daten_BA_1$anz.ind.rl.tot.~Daten_BA_1$dauer+(1|untg_id),data=Daten_BA_1,
family=poisson, na.action='na.fail',
control=glmerControl(optimizer="bobyqa",optCtrl=list(maxfun=2e5)))
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# signifikant => dauer behalten für Dredge

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.ind.rl.tot.~Daten_BA_1$veg.h.mean+(1|untg_id),data=Daten_BA_
1, family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# nicht signifikant => verwerfen

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.ind.rl.tot.~Daten_BA_1$veg.h.mean1+veg.h.mean2+(1|untg_id),d
ata=Daten_BA_1, family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# nicht signifikant => verwerfen

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.ind.rl.tot.~Daten_BA_1$veg.h.min+(1|untg_id),data=Daten_BA_1
, family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# signifikant => veg.h.min behalten für Dredge

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.ind.rl.tot.~Daten_BA_1$veg.h.max+(1|untg_id),data=Daten_BA_1
, family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# signifikant => veg.h.max behalten für Dredge

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.ind.rl.tot.~Daten_BA_1$veg.h.dif.+(1|untg_id),data=Daten_BA_
1, family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# signifikant => veg.h.dif. behalten für Dredge

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.ind.rl.tot.~Daten_BA_1$cov.veg.tot.+(1|untg_id),data=Daten_B
A_1, family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# signifikant => cov.veg.tot. behalten für Dredge

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.ind.rl.tot.~Daten_BA_1$cov.veg.tot.1+cov.veg.tot.2+(1|untg_i
d),data=Daten_BA_1, family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# beide signifikant => cov.veg.tot.1+cov.veg.tot.2 behalten für Dredge

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.ind.rl.tot.~Daten_BA_1$cov.baum+(1|untg_id),data=Daten_BA_1,
family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# nicht signifikant => verwerfen

```



```
modell=glmer(Daten_BA_1$anz.ind.rl.tot.~Daten_BA_1$cov.geb.+(1|untg_id),data=Daten_BA_1,
family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# nicht signifikant => cov.geb. verwenden für dredge

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.ind.rl.tot.~Daten_BA_1$cov.ww.+(1|untg_id),data=Daten_BA_1,
family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# signifikant => cov.ww. behalten für Dredge

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.ind.rl.tot.~Daten_BA_1$cov.ww.1+cov.ww.2+(1|untg_id),data=Da
ten_BA_1, family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# beide signifikant => cov.ww.1+cov.ww.2 behalten für Dredge

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.ind.rl.tot.~Daten_BA_1$cov.streu+(1|untg_id),data=Daten_BA_1
, family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# signifikant => cov.streu behalten für Dredge

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.ind.rl.tot.~Daten_BA_1$cov.streu1+cov.streu2+(1|untg_id),dat
a=Daten_BA_1, family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# beide signifikant => cov.streu1+cov.streu2 behalten für Dredge

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.ind.rl.tot.~Daten_BA_1$cov.toth.+(1|untg_id),data=Daten_BA_1
, family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# knapp nicht signifikant (0.0504)=> trotzdem verwenden

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.ind.rl.tot.~Daten_BA_1$cov.stein+(1|untg_id),data=Daten_BA_1
, family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# nicht signifikant => verwerfen

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.ind.rl.tot.~Daten_BA_1$cov.kies+(1|untg_id),data=Daten_BA_1,
family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# signifikant => cov.kies behalten für Dredge

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.ind.rl.tot.~Daten_BA_1$cov.f.bod.+(1|untg_id),data=Daten_BA_
1, family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# signifikant => cov.f.bod. für dredge verwenden

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.ind.rl.tot.~Daten_BA_1$ant.bff.gf.untg.+(1|untg_id),data=Dat
en_BA_1, family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# knapp nicht signifikant (0.0942) => ant.bff.gf.untg. behalten für Dredge

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.ind.rl.tot.~Daten_BA_1$ant.bff.ln.untg.+(1|untg_id),data=Dat
en_BA_1, family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
qqnorm(resid(modell))
qqline(resid(modell))
# nicht signifikant => verwerfen

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.ind.rl.tot.~Daten_BA_1$ant.ln.gf.untg.+(1|untg_id),data=Date
n_BA_1, family=poisson, na.action='na.fail')
summary(modell)
```

```

qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# nicht signifikant => verwerfen

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.ind.rl.tot.~Daten_BA_1$ant.wald.gf.untg.+(1|untg_id),data=Da
ten_BA_1, family=poisson, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# nicht signifikant => verwerfen

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.ind.rl.tot.~Daten_BA_1$ant.gew.gf.untg.+(1|untg_id),data=Da
ten_BA_1, family=poisson, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# nicht signifikant => verwerfen

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.ind.rl.tot.~Daten_BA_1$ant.bauz.gf.untg.+(1|untg_id),data=Da
ten_BA_1, family=poisson, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# nicht signifikant => verwerfen

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.ind.rl.tot.~Daten_BA_1$ant.geb.gf.untg.+(1|untg_id),data=Da
ten_BA_1, family=poisson, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# nicht signifikant => verwerfen

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.ind.rl.tot.~Daten_BA_1$ant.str.gf.untg.+(1|untg_id),data=Da
ten_BA_1, family=poisson, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# nicht signifikant => verwerfen

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.ind.rl.tot.~Daten_BA_1$ant.eis.gf.untg.+(1|untg_id),data=Da
ten_BA_1, family=poisson, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# signifikant => ant.eis.gf.untg. verwendeter für dredge

modell=glmer(Daten_BA_1$anz.ind.rl.tot.~Daten_BA_1$ant.dep.gf.untg.+(1|untg_id),data=Da
ten_BA_1, family=poisson, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# nicht signifikant => verwerfen

# 4.2.7 Individuenzahl pro min UZL-Arten----
install.packages("glmmTMB")
install.packages("bbmle")
library("glmmTMB")
library("bbmle")
Daten_BA_1$anz.ind.min.uzl.zeroless1=replace(Daten_BA_1$anz.ind.min.uzl.,Daten_BA_1$anz.
ind.min.uzl.==0,10^-10) # Nuller mit 10^-10 ersetzen => damit Gamma-Verteilung
funktioniert
# anz.ind.min.uzl.zeroless1 wurde nicht verwendet

modell=glmmTMB(Daten_BA_1$anz.ind.min.uzl.~Daten_BA_1$veg.h.mean+(1|untg_id),data=Daten_
BA_1, family=nbinom2, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# nicht signifikant => verwerfen

modell=glmmTMB(Daten_BA_1$anz.ind.min.uzl.~Daten_BA_1$veg.h.mean1+veg.h.mean2+(1|untg_id
),data=Daten_BA_1, family=nbinom2, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# nicht signifikant => verwerfen

modell=glmmTMB(Daten_BA_1$anz.ind.min.uzl.~Daten_BA_1$veg.h.min+(1|untg_id),data=Daten_B
A_1, family=nbinom2, na.action='na.fail')
summary(model1)

```

```
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# nicht signifikant => verwerfen

modell1=glmmTMB(Daten_BA_1$anz.ind.min.uzl.~Daten_BA_1$veg.h.max+(1|untg_id),data=Daten_BA_1, family=nbinom2, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# nicht signifikant => verwerfen

modell1=glmmTMB(Daten_BA_1$anz.ind.min.uzl.~Daten_BA_1$veg.h.dif.+(1|untg_id),data=Daten_BA_1, family=nbinom2, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# nicht signifikant => verwerfen

modell1=glmmTMB(Daten_BA_1$anz.ind.min.uzl.~Daten_BA_1$cov.veg.tot.+(1|untg_id),data=Daten_BA_1, family=nbinom2, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# knapp nicht signifikant (0.0591) => verwerfen für Dredge verwenden

modell1=glmmTMB(Daten_BA_1$anz.ind.min.uzl.~Daten_BA_1$cov.veg.tot.1+cov.veg.tot.2+(1|untg_id),data=Daten_BA_1, family=nbinom2, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# nicht signifikant => verwerfen

modell1=glmmTMB(Daten_BA_1$anz.ind.min.uzl.~Daten_BA_1$cov.baum+(1|untg_id),data=Daten_BA_1, family=nbinom2, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# nicht signifikant => verwerfen

modell1=glmmTMB(Daten_BA_1$anz.ind.min.uzl.~Daten_BA_1$cov.geb.+(1|untg_id),data=Daten_BA_1, family=nbinom2, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# nicht signifikant => verwerfen

modell1=glmmTMB(Daten_BA_1$anz.ind.min.uzl.~Daten_BA_1$cov.ww.+(1|untg_id),data=Daten_BA_1, family=nbinom2, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# knapp nicht signifikant (0.0639) => trotzdem für dredge verwenden

modell1=glmmTMB(Daten_BA_1$anz.ind.min.uzl.~Daten_BA_1$cov.ww.1+cov.ww.2+(1|untg_id),data=Daten_BA_1, family=nbinom2, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# nicht signifikant => verwerfen

modell1=glmmTMB(Daten_BA_1$anz.ind.min.uzl.~Daten_BA_1$cov.streu+(1|untg_id),data=Daten_BA_1, family=nbinom2, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# signifikant => cov.streu für dredge verwenden

modell1=glmmTMB(Daten_BA_1$anz.ind.min.uzl.~Daten_BA_1$cov.streu1+cov.streu2+(1|untg_id),data=Daten_BA_1, family=nbinom2, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# streu1 signifikant und streu2 knapp nicht signifikant (0.0589) => behalten für Dredge

modell1=glmmTMB(Daten_BA_1$anz.ind.min.uzl.~Daten_BA_1$cov.toth.+(1|untg_id),data=Daten_BA_1, family=nbinom2, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# nicht signifikant => verwerfen
```

```
modell1=glmmTMB(Daten_BA_1$anz.ind.min.uzl.~Daten_BA_1$cov.stein+(1|untg_id),data=Daten_BA_1, family=nbinom2, na.action='na.fail')
summary(modell1)
qqnorm(resid(modell1))
qqline(resid(modell1))
# nicht signifikant => verwerfen

modell1=glmmTMB(Daten_BA_1$anz.ind.min.uzl.~Daten_BA_1$cov.kies+(1|untg_id),data=Daten_BA_1, family=nbinom2, na.action='na.fail')
summary(modell1)
qqnorm(resid(modell1))
qqline(resid(modell1))
# knapp nicht signifikant (0.0891) => trotzdem für dredge verwenden

modell1=glmmTMB(Daten_BA_1$anz.ind.min.uzl.~Daten_BA_1$cov.f.bod.+(1|untg_id),data=Daten_BA_1, family=nbinom2, na.action='na.fail')
summary(modell1)
qqnorm(resid(modell1))
qqline(resid(modell1))
# nicht signifikant => verwerfen

modell1=glmmTMB(Daten_BA_1$anz.ind.min.uzl.~Daten_BA_1$ant.bff.gf.untg.+(1|untg_id),data=Daten_BA_1, family=nbinom2, na.action='na.fail')
summary(modell1)
qqnorm(resid(modell1))
qqline(resid(modell1))
# signifikant => ant.bff.gf.untg. für Dredge verwenden

modell1=glmmTMB(Daten_BA_1$anz.ind.min.uzl.~Daten_BA_1$ant.bff.ln.untg.+(1|untg_id),data=Daten_BA_1, family=nbinom2, na.action='na.fail')
summary(modell1)
qqnorm(resid(modell1))
qqline(resid(modell1))
# knapp nicht signifikant (0.0677) => trotzdem ant.bff.ln.untg. für Dredge verwenden

modell1=glmmTMB(Daten_BA_1$anz.ind.min.uzl.~Daten_BA_1$ant.ln.gf.untg.+(1|untg_id),data=Daten_BA_1, family=nbinom2, na.action='na.fail')
summary(modell1)
qqnorm(resid(modell1))
qqline(resid(modell1))
# nicht signifikant => verwerfen

modell1=glmmTMB(Daten_BA_1$anz.ind.min.uzl.~Daten_BA_1$ant.wald.gf.untg.+(1|untg_id),data=Daten_BA_1, family=nbinom2, na.action='na.fail')
summary(modell1)
qqnorm(resid(modell1))
qqline(resid(modell1))
# nicht signifikant => verwerfen

modell1=glmmTMB(Daten_BA_1$anz.ind.min.uzl.~Daten_BA_1$ant.gew.gf.untg.+(1|untg_id),data=Daten_BA_1, family=nbinom2, na.action='na.fail')
summary(modell1)
qqnorm(resid(modell1))
qqline(resid(modell1))
# nicht signifikant => verwerfen

modell1=glmmTMB(Daten_BA_1$anz.ind.min.uzl.~Daten_BA_1$ant.bauz.gf.untg.+(1|untg_id),data=Daten_BA_1, family=nbinom2, na.action='na.fail')
summary(modell1)
qqnorm(resid(modell1))
qqline(resid(modell1))
# nicht signifikant => verwerfen

modell1=glmmTMB(Daten_BA_1$anz.ind.min.uzl.~Daten_BA_1$ant.geb.gf.untg.+(1|untg_id),data=Daten_BA_1, family=nbinom2, na.action='na.fail')
summary(modell1)
qqnorm(resid(modell1))
qqline(resid(modell1))
# nicht signifikant => verwerfen

modell1=glmmTMB(Daten_BA_1$anz.ind.min.uzl.~Daten_BA_1$ant.str.gf.untg.+(1|untg_id),data=Daten_BA_1, family=nbinom2, na.action='na.fail')
summary(modell1)
qqnorm(resid(modell1))
qqline(resid(modell1))
# nicht signifikant => verwerfen

modell1=glmmTMB(Daten_BA_1$anz.ind.min.uzl.~Daten_BA_1$ant.eis.gf.untg.+(1|untg_id),data=Daten_BA_1, family=nbinom2, na.action='na.fail')
```



```

summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# nicht signifikant => verwerfen

model1=glmmTMB(Daten_BA_1$anz.ind.min.uzl.~Daten_BA_1$ant.dep.gf.untg.+(1|untg_id),data=
Daten_BA_1, family=nbinom2, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# nicht signifikant => verwerfen

# 4.2.8 Individuenzahl pro min RL-Arten----
model1=glmmTMB(Daten_BA_1$anz.ind.min.rl.tot.~Daten_BA_1$veg.h.mean+(1|untg_id),data=Dat
en_BA_1, family=nbinom2, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# nicht signifikant => verwerfen

model1=glmmTMB(Daten_BA_1$anz.ind.min.rl.tot.~Daten_BA_1$veg.h.mean1+veg.h.mean2+(1|untg
_id),data=Daten_BA_1, family=nbinom2, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# nicht signifikant => verwerfen

model1=glmmTMB(Daten_BA_1$anz.ind.min.rl.tot.~Daten_BA_1$veg.h.min+(1|untg_id),data=Date
n_BA_1, family=nbinom2, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# nicht signifikant => verwerfen

model1=glmmTMB(Daten_BA_1$anz.ind.min.rl.tot.~Daten_BA_1$veg.h.max+(1|untg_id),data=Date
n_BA_1, family=nbinom2, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# nicht signifikant => verwerfen

model1=glmmTMB(Daten_BA_1$anz.ind.min.rl.tot.~Daten_BA_1$veg.h.dif.+(1|untg_id),data=Dat
en_BA_1, family=nbinom2, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# nicht signifikant => verwerfen

model1=glmmTMB(Daten_BA_1$anz.ind.min.rl.tot.~Daten_BA_1$cov.veg.tot.+(1|untg_id),data=D
aten_BA_1, family=nbinom2, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# signifikant => cov.veg.tot. behalten für Dredge

model1=glmmTMB(Daten_BA_1$anz.ind.min.rl.tot.~Daten_BA_1$cov.veg.tot.1+cov.veg.tot.2+(1|
untg_id),data=Daten_BA_1, family=nbinom2, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# beide signifikant => cov.veg.tot.1 und 2 für dredge verwenden

model1=glmmTMB(Daten_BA_1$anz.ind.min.rl.tot.~Daten_BA_1$cov.baum+(1|untg_id),data=Daten
_BA_1, family=nbinom2, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# nicht signifikant => verwerfen

model1=glmmTMB(Daten_BA_1$anz.ind.min.rl.tot.~Daten_BA_1$cov.geb.+(1|untg_id),data=Daten
_BA_1, family=nbinom2, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# nicht signifikant => verwerfen

model1=glmmTMB(Daten_BA_1$anz.ind.min.rl.tot.~Daten_BA_1$cov.ww.+(1|untg_id),data=Daten_
BA_1, family=nbinom2, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))

```

```
qqline(resid(model1))
# nicht signifikant => verwerfen

model1=glmmTMB(Daten_BA_1$anz.ind.min.rl.tot.~Daten_BA_1$cov.ww.1+cov.ww.2+(1|untg_id),d
ata=Daten_BA_1, family=nbinom2, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# signifikant => cov.ww.1 und cov.ww.2 für Dredge behalten

model1=glmmTMB(Daten_BA_1$anz.ind.min.rl.tot.~Daten_BA_1$cov.streu+(1|untg_id),data=Date
n_BA_1, family=nbinom2, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# signifikant => cov.streu behalten für Dredge

model1=glmmTMB(Daten_BA_1$anz.ind.min.rl.tot.~Daten_BA_1$cov.streu1+cov.streu2+(1|untg_i
d),data=Daten_BA_1, family=nbinom2, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# streu2 signifikant => behalten für Dredge

model1=glmmTMB(Daten_BA_1$anz.ind.min.rl.tot.~Daten_BA_1$cov.toth.+(1|untg_id),data=Date
n_BA_1, family=nbinom2, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# nicht signifikant => verwerfen

model1=glmmTMB(Daten_BA_1$anz.ind.min.rl.tot.~Daten_BA_1$cov.stein+(1|untg_id),data=Date
n_BA_1, family=nbinom2, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# signifikant => cov.stein für dredge verwenden

model1=glmmTMB(Daten_BA_1$anz.ind.min.rl.tot.~Daten_BA_1$cov.kies+(1|untg_id),data=Daten
_BA_1, family=nbinom2, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# nicht signifikant => verwerfen

model1=glmmTMB(Daten_BA_1$anz.ind.min.rl.tot.~Daten_BA_1$cov.f.bod.+(1|untg_id),data=Dat
en_BA_1, family=nbinom2, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# nicht signifikant => verwerfen

model1=glmmTMB(Daten_BA_1$anz.ind.min.rl.tot.~Daten_BA_1$sant.bff.gf.untg.+(1|untg_id),da
ta=Daten_BA_1, family=nbinom2, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# knapp nicht signifikant (0.1177) => trotzdem für dredge verwenden

model1=glmmTMB(Daten_BA_1$anz.ind.min.rl.tot.~Daten_BA_1$sant.bff.ln.untg.+(1|untg_id),da
ta=Daten_BA_1, family=nbinom2, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# nicht signifikant => verwerfen

model1=glmmTMB(Daten_BA_1$anz.ind.min.rl.tot.~Daten_BA_1$sant.ln.gf.untg.+(1|untg_id),dat
a=Daten_BA_1, family=nbinom2, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# nicht signifikant => verwerfen

model1=glmmTMB(Daten_BA_1$anz.ind.min.rl.tot.~Daten_BA_1$sant.wald.gf.untg.+(1|untg_id),d
ata=Daten_BA_1, family=nbinom2, na.action='na.fail')
summary(model1)
qqnorm(resid(model1))
qqline(resid(model1))
# nicht signifikant => verwerfen
```

```

modell1=glmmTMB(Daten_BA_1$anz.ind.min.rl.tot.~Daten_BA_1$ant.gew.gf.untg.+(1|untg_id),data=Daten_BA_1, family=nbinom2, na.action='na.fail')
summary(modell1)
qqnorm(resid(modell1))
qqline(resid(modell1))
# nicht signifikant => verwerfen

modell1=glmmTMB(Daten_BA_1$anz.ind.min.rl.tot.~Daten_BA_1$ant.bauz.gf.untg.+(1|untg_id),data=Daten_BA_1, family=nbinom2, na.action='na.fail')
summary(modell1)
qqnorm(resid(modell1))
qqline(resid(modell1))
# nicht signifikant => verwerfen

modell1=glmmTMB(Daten_BA_1$anz.ind.min.rl.tot.~Daten_BA_1$ant.geb.gf.untg.+(1|untg_id),data=Daten_BA_1, family=nbinom2, na.action='na.fail')
summary(modell1)
qqnorm(resid(modell1))
qqline(resid(modell1))
# nicht signifikant => verwerfen

modell1=glmmTMB(Daten_BA_1$anz.ind.min.rl.tot.~Daten_BA_1$ant.str.gf.untg.+(1|untg_id),data=Daten_BA_1, family=nbinom2, na.action='na.fail')
summary(modell1)
qqnorm(resid(modell1))
qqline(resid(modell1))
# nicht signifikant => verwerfen

modell1=glmmTMB(Daten_BA_1$anz.ind.min.rl.tot.~Daten_BA_1$ant.eis.gf.untg.+(1|untg_id),data=Daten_BA_1, family=nbinom2, na.action='na.fail')
summary(modell1)
qqnorm(resid(modell1))
qqline(resid(modell1))
# nicht signifikant => verwerfen

modell1=glmmTMB(Daten_BA_1$anz.ind.min.rl.tot.~Daten_BA_1$ant.dep.gf.untg.+(1|untg_id),data=Daten_BA_1, family=nbinom2, na.action='na.fail')
summary(modell1)
qqnorm(resid(modell1))
qqline(resid(modell1))
# nicht signifikant => verwerfen

#...----
# 4.3 Dredge----
install.packages("rsq")
install.packages("r2glmm")
library("rsq")
library("r2glmm")

#...----
# 4.3.1 Artenzahl----
fullmodell1=glmer((anz.art.~dauer+veg.h.mean+veg.h.max+veg.h.dif.+cov.veg.tot.+cov.streu+ant.bff.ln.untg.+(1|untg_id)),family=poisson, na.action='na.fail', data = Daten_BA_1,)
summary(fullmodell1); AICc(fullmodell1)
qqnorm(resid(fullmodell1))
qqline(resid(fullmodell1))
plot(fullmodell1)
dispersion_glmmer(fullmodell1)
# zu tief = 0.5014534, Werte über 1.4 würde auf eine ernsthaftere Überdispersion hindeuten (<0.75=underdispersion, >1.4=overdispersion)
dredgefull1=dredge(fullmodell1, trace = 2)
head(dredgefull1)

model_top1=subset(dredgefull1, delta<4)
model_top1_ok=subset(model_top1,!nested())
head(model_top1_ok)

avg_model_top1_ok=model1.avg(model_top1_ok)
avg_model_top1_ok$coefficients
confint(avg_model_top1_ok) # nur cov.veg.tot., veg.h.max brauchbar (cov.streu => confint knapp nicht erfüllt, dennoch verwendet, weil nur extrem knapp nicht genügend)
summary(avg_model_top1_ok)
importance(avg_model_top1_ok)

cor.test(cov.veg.tot., anz.art.) # !!!
cor.test(veg.h.max, anz.art.) # !!!

plot(cov.veg.tot., anz.art.) # !!!
plot(veg.h.max, anz.art.) # !!!

```

4.3.2 Artenzahl UZL-Arten----

```
fullmodel1=glmer((anz.uzl.art.~dauer+veg.h.max+veg.h.dif.+cov.veg.tot.+cov.streu+ant.bff
.gf.untg.+ant.bff.ln.untg.+(1|untg_id)), data = Daten_BA_1, family=poisson,
na.action='na.fail')
summary(fullmodel1); AICc(fullmodel1)
qqnorm(resid(fullmodel1))
qqline(resid(fullmodel1))
plot(fullmodel1)
dispersion_glmmer(fullmodel1)
# ideal = 0.8391556, Werte über 1.4 würde auf eine ernsthaftere Überdispersion hindeuten
(<0.75=underdispersion, >1.4=overdispersion)
dredgefull1=dredge(fullmodel1, trace = 2)
head(dredgefull1)
```

```
model_top1=subset(dredgefull1, delta<4)
model_top1_ok=subset(model_top1,!nested())
head(model_top1_ok)
```

```
avg_model_top1_ok=model.avg(model_top1_ok)
avg_model_top1_ok$coefficients
confint(avg_model_top1_ok) # veg.h.dif, cov.streu und cov.veg.tot. brauchbar
summary(avg_model_top1_ok)
importance(avg_model_top1_ok)
```

```
cor.test(cov.veg.tot.,anz.uzl.art.) # !!!
cor.test(cov.streu,anz.uzl.art.) # !!!
cor.test(veg.h.dif.,anz.uzl.art.) # !!!
```

```
plot(cov.veg.tot.,anz.uzl.art.)# !!!
plot(cov.streu,anz.uzl.art.)# !!!
plot(veg.h.dif.,anz.uzl.art.)# !!!
```

4.3.3 Artenzahl RL-Arten----

```
fullmodel1=glmer((anz.rl.tot.~dauer+veg.h.mean+veg.h.max+veg.h.dif.+cov.veg.tot.+cov.str
eu+ant.bff.gf.untg.+ant.bff.ln.untg.+(1|untg_id)), data = Daten_BA_1, family=poisson,
na.action='na.fail')
summary(fullmodel1); AICc(fullmodel1)
qqnorm(resid(fullmodel1))
qqline(resid(fullmodel1))
plot(fullmodel1)
dispersion_glmmer(fullmodel1)
# wenig zu tief = 0.7534168, Werte über 1.4 würde auf eine ernsthaftere Überdispersion
hindeuten (<0.75=underdispersion, >1.4=overdispersion)
dredgefull1=dredge(fullmodel1, trace = 2)
head(dredgefull1)
```

```
model_top1=subset(dredgefull1, delta<4)
model_top1_ok=subset(model_top1,!nested())
head(model_top1_ok)
```

```
avg_model_top1_ok=model.avg(model_top1_ok)
avg_model_top1_ok$coefficients
confint(avg_model_top1_ok)
summary(avg_model_top1_ok) # cov.veg.tot., cov.streu, veg.h.max verwenden zum plotten
importance(avg_model_top1_ok)
```

```
cor.test(cov.veg.tot.,anz.rl.tot.) # !!!
cor.test(cov.streu,anz.rl.tot.)# !!!
cor.test(veg.h.max,anz.rl.tot.)# !!!
```

```
plot(cov.veg.tot.,anz.rl.tot.)# !!!
plot(cov.streu,anz.rl.tot.)# !!!
plot(veg.h.max,anz.rl.tot.)# !!!
```

4.3.4 Individuenzahl----

```
fullmodel1=glmer((anz.ind.~dauer+veg.h.mean+veg.h.min+veg.h.dif.+ant.bff.gf.untg.+ant.bf
f.ln.untg.+(1|untg_id)), data = Daten_BA_1, family=poisson, na.action='na.fail')
summary(fullmodel1); AICc(fullmodel1)
qqnorm(resid(fullmodel1))
qqline(resid(fullmodel1))
plot(fullmodel1)
dispersion_glmmer(fullmodel1)
# an der Grenze zu Overdispersion = 1.669854, Werte über 1.4 würde auf eine ernsthaftere
Überdispersion hindeuten (<0.75=underdispersion, >1.4=overdispersion)
dredgefull1=dredge(fullmodel1, trace = 2)
head(dredgefull1)
```

```
model_top1=subset(dredgefull1, delta<4)
model_top1_ok=subset(model_top1,!nested())
head(model_top1_ok)
```



```

avg_model_top1_ok=model.avg(model_top1_ok)
avg_model_top1_ok$coefficients
confint(avg_model_top1_ok)
summary(avg_model_top1_ok) #ant.bff.gf.untg., ant.eis.gf.untg., dauer, veg.h.mean
importance(avg_model_top1_ok)

cor.test(dauer,anz.ind.)# !!!
cor.test(veg.h.min,anz.ind.)# !!!
cor.test(veg.h.dif.,anz.ind.)# !!!
cor.test(veg.h.mean,anz.ind.)# !!!

plot(dauer,anz.ind.)# !!!
plot(veg.h.min,anz.ind.)# !!!
plot(veg.h.dif.,anz.ind.)# !!!
plot(veg.h.mean,anz.ind.)# !!!

# 4.3.5 Individuenzahl UZL-Arten----
fullmodel1=glmer((anz.ind.uzl.~dauer+veg.h.min+veg.h.max+veg.h.dif.+cov.veg.tot.+cov.stre
eu+ant.bff.gf.untg.+ant.bff.ln.untg.+(1|untg_id)), data = Daten_BA_1,
family=negative.binomial(2), na.action='na.fail')
summary(fullmodel1); AICc(fullmodel1)
qqnorm(resid(fullmodel1))
qqline(resid(fullmodel1))
plot(fullmodel1)
dispersion_glmmer(fullmodel1)
# wenig zu tief = 0.7618809, Werte über 1.4 würde auf eine ernsthaftere Überdispersion
hindeuten (<0.75=underdispersion, >1.4=overdispersion)
dredgefull1=dredge(fullmodel1, trace = 2)
head(dredgefull1)

model_top1=subset(dredgefull1, delta<4)
model_top1_ok=subset(model_top1,!nested())
head(model_top1_ok)

avg_model_top1_ok=model.avg(model_top1_ok)
avg_model_top1_ok$coefficients
confint(avg_model_top1_ok)
summary(avg_model_top1_ok) # ant.bff.gf.untg., dauer, veg.h.dif.
importance(avg_model_top1_ok)

cor.test(dauer,anz.ind.uzl.)# !!!
cor.test(ant.bff.gf.untg.,anz.ind.uzl.)# !!!
cor.test(veg.h.dif.,anz.ind.uzl.)# !!!

plot(dauer,anz.ind.uzl.)# !!!
plot(ant.bff.gf.untg.,anz.ind.uzl.)# !!!
plot(veg.h.dif.,anz.ind.uzl.)# !!!

# 4.3.5 Individuenzahl RL-Arten----
fullmodel1=glmer((anz.ind.rl.tot.~dauer+veg.h.min+veg.h.max+veg.h.dif.+cov.veg.tot.+cov.
streu+cov.f.bod.+ant.bff.gf.untg.+(1|untg_id)), data = Daten_BA_1,
family=negative.binomial(2), na.action='na.fail')
summary(fullmodel1); AICc(fullmodel1)
qqnorm(resid(fullmodel1))
qqline(resid(fullmodel1))
plot(fullmodel1)
dispersion_glmmer(fullmodel1)
# ideal = 1.14037, Werte über 1.4 würde auf eine ernsthaftere Überdispersion hindeuten
(<0.75=underdispersion, >1.4=overdispersion)
dredgefull1=dredge(fullmodel1, trace = 2)
head(dredgefull1)

model_top1=subset(dredgefull1, delta<4)
model_top1_ok=subset(model_top1,!nested())
head(model_top1_ok)

avg_model_top1_ok=model.avg(model_top1_ok)
avg_model_top1_ok$coefficients
confint(avg_model_top1_ok)
summary(avg_model_top1_ok)# dauer, cov.veg.tot., cov.streu, veg.h.min, veg.h.max
importance(avg_model_top1_ok)

cor.test(dauer,anz.ind.rl.tot.)#!!!
cor.test(Daten_BA_1$cov.veg.tot.,anz.ind.rl.tot.)#!!!
cor.test(cov.streu,anz.ind.rl.tot.)#!!!
cor.test(veg.h.min,anz.ind.rl.tot.)#!!!
cor.test(veg.h.max,anz.ind.rl.tot.)#!!!

plot(dauer,anz.ind.rl.tot.)#!!!

```

```

plot(Daten_BA_1$cov.veg.tot.,anz.ind.rl.tot.)###
plot(cov.streu,anz.ind.rl.tot.)###
plot(veg.h.min,anz.ind.rl.tot.)###
plot(veg.h.max,anz.ind.rl.tot.)###

#...---
# 4.4 Visualisierungen Dredge----
# 4.4.1 Artenzahl----
par(mfrow=c(4,2))
plot(cov.veg.tot.,anz.art., xlab = "Vegetationsbedeckung", ylab = "Anzahl Arten",
     col=c("darkslategray2","deepskyblue3","darkgoldenrod1","darkorange2"),pch=19)
trend1=lm(data_weide_Q1$anz.art.~data_weide_Q1$cov.veg.tot.)
abline(trend1, col="darkslategray2")
trend2=lm(data_weide_Q2$anz.art.~data_weide_Q2$cov.veg.tot.)
abline(trend2, col="deepskyblue3")
trend3=lm(data_wiese_Q1$anz.art.~data_wiese_Q1$cov.veg.tot.)
abline(trend3, col="darkgoldenrod1")
trend4=lm(data_wiese_Q2$anz.art.~data_wiese_Q2$cov.veg.tot.)
abline(trend4, col="darkorange2")

plot(veg.h.max,anz.art., xlab = "Maximale Vegetationshöhe [cm]", ylab = "Anzahl Arten",
     col=c("darkslategray2","deepskyblue3","darkgoldenrod1","darkorange2"),pch=19)
trend1=lm(data_weide_Q1$anz.art.~data_weide_Q1$veg.h.max)
abline(trend1, col="darkslategray2")
trend2=lm(data_weide_Q2$anz.art.~data_weide_Q2$veg.h.max)
abline(trend2, col="deepskyblue3")
trend3=lm(data_wiese_Q1$anz.art.~data_wiese_Q1$veg.h.max)
abline(trend3, col="darkgoldenrod1")
trend4=lm(data_wiese_Q2$anz.art.~data_wiese_Q2$veg.h.max)
abline(trend4, col="darkorange2")

# 4.4.2 Artenzahl UZL-Arten----
plot(cov.veg.tot.,anz.uzl.art., xlab = "Vegetationsbedeckung", ylab = "Anzahl UZL-
Arten",
     col=c("darkslategray2","deepskyblue3","darkgoldenrod1","darkorange2"),pch=19)
trend1=lm(data_weide_Q1$anz.uzl.art.~data_weide_Q1$cov.veg.tot.)
abline(trend1, col="darkslategray2")
trend2=lm(data_weide_Q2$anz.uzl.art.~data_weide_Q2$cov.veg.tot.)
abline(trend2, col="deepskyblue3")
trend3=lm(data_wiese_Q1$anz.uzl.art.~data_wiese_Q1$cov.veg.tot.)
abline(trend3, col="darkgoldenrod1")
trend4=lm(data_wiese_Q2$anz.uzl.art.~data_wiese_Q2$cov.veg.tot.)
abline(trend4, col="darkorange2")

plot(cov.streu,anz.uzl.art., xlab = "Anteil Altgras", ylab = "Anzahl UZL-Arten",
     col=c("darkslategray2","deepskyblue3","darkgoldenrod1","darkorange2"),pch=19)
trend1=lm(data_weide_Q1$anz.uzl.art.~data_weide_Q1$cov.streu)
abline(trend1, col="darkslategray2")
trend2=lm(data_weide_Q2$anz.uzl.art.~data_weide_Q2$cov.streu)
abline(trend2, col="deepskyblue3")
trend3=lm(data_wiese_Q1$anz.uzl.art.~data_wiese_Q1$cov.streu)
abline(trend3, col="darkgoldenrod1")
trend4=lm(data_wiese_Q2$anz.uzl.art.~data_wiese_Q2$cov.streu)
abline(trend4, col="darkorange2")

plot(veg.h.dif.,anz.uzl.art., xlab = "Differenz Vegetationshöhe [cm]", ylab = "Anzahl
UZL-Arten",
     col=c("darkslategray2","deepskyblue3","darkgoldenrod1","darkorange2"),pch=19)
trend1=lm(data_weide_Q1$anz.uzl.art.~data_weide_Q1$veg.h.dif.)
abline(trend1, col="darkslategray2")
trend2=lm(data_weide_Q2$anz.uzl.art.~data_weide_Q2$veg.h.dif.)
abline(trend2, col="deepskyblue3")
trend3=lm(data_wiese_Q1$anz.uzl.art.~data_wiese_Q1$veg.h.dif.)
abline(trend3, col="darkgoldenrod1")
trend4=lm(data_wiese_Q2$anz.uzl.art.~data_wiese_Q2$veg.h.dif.)
abline(trend4, col="darkorange2")

# 4.4.3 Artenzahl RL-Arten----
plot(cov.veg.tot.,anz.rl.tot., xlab = "Vegetationsbedeckung", ylab = "Anzahl RL-Arten",
     col=c("darkslategray2","deepskyblue3","darkgoldenrod1","darkorange2"),pch=19)
trend1=lm(data_weide_Q1$anz.rl.tot.~data_weide_Q1$cov.veg.tot.)
abline(trend1, col="darkslategray2")
trend2=lm(data_weide_Q2$anz.rl.tot.~data_weide_Q2$cov.veg.tot.)
abline(trend2, col="deepskyblue3")
trend3=lm(data_wiese_Q1$anz.rl.tot.~data_wiese_Q1$cov.veg.tot.)
abline(trend3, col="darkgoldenrod1")
trend4=lm(data_wiese_Q2$anz.rl.tot.~data_wiese_Q2$cov.veg.tot.)
abline(trend4, col="darkorange2")

plot(cov.streu,anz.rl.tot., xlab = "Anteil Altgras", ylab = "Anzahl RL-Arten",

```

```

col=c("darkslategray2","deepskyblue3","darkgoldenrod1","darkorange2"),pch=19)
trend1=lm(data_weide_Q1$anz.rl.tot.~data_weide_Q1$cov.streu)
abline(trend1, col="darkslategray2")
trend2=lm(data_weide_Q2$anz.rl.tot.~data_weide_Q2$cov.streu)
abline(trend2, col="deepskyblue3")
trend3=lm(data_wiese_Q1$anz.rl.tot.~data_wiese_Q1$cov.streu)
abline(trend3, col="darkgoldenrod1")
trend4=lm(data_wiese_Q2$anz.rl.tot.~data_wiese_Q2$cov.streu)
abline(trend4, col="darkorange2")

plot(veg.h.max,anz.rl.tot., xlab = "Maximale Vegetationshöhe [cm]", ylab = "Anzahl RL-
Arten",
col=c("darkslategray2","deepskyblue3","darkgoldenrod1","darkorange2"),pch=19)
trend1=lm(data_weide_Q1$anz.rl.tot.~data_weide_Q1$veg.h.max)
abline(trend1, col="darkslategray2")
trend2=lm(data_weide_Q2$anz.rl.tot.~data_weide_Q2$veg.h.max)
abline(trend2, col="deepskyblue3")
trend3=lm(data_wiese_Q1$anz.rl.tot.~data_wiese_Q1$veg.h.max)
abline(trend3, col="darkgoldenrod1")
trend4=lm(data_wiese_Q2$anz.rl.tot.~data_wiese_Q2$veg.h.max)
abline(trend4, col="darkorange2")

```

4.4.4 Individuenzahl----

```

plot(dauer,anz.ind., xlab = "Kartierungszeit [min]", ylab = "Anzahl Individuen",
col=c("darkslategray2","deepskyblue3","darkgoldenrod1","darkorange2"),pch=19)
trend1=lm(data_weide_Q1$anz.ind.~data_weide_Q1$dauer)
abline(trend1, col="darkslategray2")
trend2=lm(data_weide_Q2$anz.ind.~data_weide_Q2$dauer)
abline(trend2, col="deepskyblue3")
trend3=lm(data_wiese_Q1$anz.ind.~data_wiese_Q1$dauer)
abline(trend3, col="darkgoldenrod1")
trend4=lm(data_wiese_Q2$anz.ind.~data_wiese_Q2$dauer)
abline(trend4, col="darkorange2")

```

```

plot(veg.h.min,anz.ind., xlab = "Minimale Vegetationshöhe [cm]", ylab = "Anzahl
Individuen",
col=c("darkslategray2","deepskyblue3","darkgoldenrod1","darkorange2"),pch=19)
trend1=lm(data_weide_Q1$anz.ind.~data_weide_Q1$veg.h.dif.)
abline(trend1, col="darkslategray2")
trend2=lm(data_weide_Q2$anz.ind.~data_weide_Q2$veg.h.dif.)
abline(trend2, col="deepskyblue3")
trend3=lm(data_wiese_Q1$anz.ind.~data_wiese_Q1$veg.h.dif.)
abline(trend3, col="darkgoldenrod1")
trend4=lm(data_wiese_Q2$anz.ind.~data_wiese_Q2$veg.h.dif.)
abline(trend4, col="darkorange2")

```

```

plot(veg.h.mean,anz.ind., xlab = "Mittlere Vegetationshöhe [cm]", ylab = "Anzahl
Individuen",
col=c("darkslategray2","deepskyblue3","darkgoldenrod1","darkorange2"),pch=19)
trend1=lm(data_weide_Q1$anz.ind.~data_weide_Q1$veg.h.mean)
abline(trend1, col="darkslategray2")
trend2=lm(data_weide_Q2$anz.ind.~data_weide_Q2$veg.h.mean)
abline(trend2, col="deepskyblue3")
trend3=lm(data_wiese_Q1$anz.ind.~data_wiese_Q1$veg.h.mean)
abline(trend3, col="darkgoldenrod1")
trend4=lm(data_wiese_Q2$anz.ind.~data_wiese_Q2$veg.h.mean)
abline(trend4, col="darkorange2")

```

```

plot(veg.h.dif.,anz.ind., xlab = "Differenz Vegetationshöhe [cm]", ylab = "Anzahl
Individuen",
col=c("darkslategray2","deepskyblue3","darkgoldenrod1","darkorange2"),pch=19)
trend1=lm(data_weide_Q1$anz.ind.~data_weide_Q1$veg.h.dif.)
abline(trend1, col="darkslategray2")
trend2=lm(data_weide_Q2$anz.ind.~data_weide_Q2$veg.h.dif.)
abline(trend2, col="deepskyblue3")
trend3=lm(data_wiese_Q1$anz.ind.~data_wiese_Q1$veg.h.dif.)
abline(trend3, col="darkgoldenrod1")
trend4=lm(data_wiese_Q2$anz.ind.~data_wiese_Q2$veg.h.dif.)
abline(trend4, col="darkorange2")

```

4.4.5 Individuenzahl UZL-Arten----

```

plot(dauer,anz.ind.uzl., xlab = "Dauer [min]", ylab = "Anzahl Individuen UZL-Arten",
col=c("darkslategray2","deepskyblue3","darkgoldenrod1","darkorange2"),pch=19)
trend1=lm(data_weide_Q1$anz.ind.uzl.~data_weide_Q1$dauer)
abline(trend1, col="darkslategray2")
trend2=lm(data_weide_Q2$anz.ind.uzl.~data_weide_Q2$dauer)
abline(trend2, col="deepskyblue3")
trend3=lm(data_wiese_Q1$anz.ind.uzl.~data_wiese_Q1$dauer)
abline(trend3, col="darkgoldenrod1")
trend4=lm(data_wiese_Q2$anz.ind.uzl.~data_wiese_Q2$dauer)

```

```

abline(trend4, col="darkorange2")

plot(veg.h.dif.,anz.ind.uzl., xlab = "Differenz Vegetationshöhe [cm]", ylab = "Anzahl Individuen UZL-Arten",
      col=c("darkslategray2","deepskyblue3","darkgoldenrod1","darkorange2"),pch=19)
trend1=lm(data_weide_Q1$anz.ind.uzl.~data_weide_Q1$veg.h.dif.)
abline(trend1, col="darkslategray2")
trend2=lm(data_weide_Q2$anz.ind.uzl.~data_weide_Q2$veg.h.dif.)
abline(trend2, col="deepskyblue3")
trend3=lm(data_wiese_Q1$anz.ind.uzl.~data_wiese_Q1$veg.h.dif.)
abline(trend3, col="darkgoldenrod1")
trend4=lm(data_wiese_Q2$anz.ind.uzl.~data_wiese_Q2$veg.h.dif.)
abline(trend4, col="darkorange2")

plot(ant.bff.gf.untg.,anz.ind.uzl., xlab = "Anteil BFF / Gesamtfläche [%]", ylab = "Anzahl Individuen UZL-Arten",
      col=c("darkslategray2","deepskyblue3","darkgoldenrod1","darkorange2"),pch=19)
trend1=lm(data_weide_Q1$anz.ind.uzl.~data_weide_Q1$ant.bff.gf.untg.)
abline(trend1, col="darkslategray2")
trend2=lm(data_weide_Q2$anz.ind.uzl.~data_weide_Q2$ant.bff.gf.untg.)
abline(trend2, col="deepskyblue3")
trend3=lm(data_wiese_Q1$anz.ind.uzl.~data_wiese_Q1$ant.bff.gf.untg.)
abline(trend3, col="darkgoldenrod1")
trend4=lm(data_wiese_Q2$anz.ind.uzl.~data_wiese_Q2$ant.bff.gf.untg.)
abline(trend4, col="darkorange2")

# 4.4.6 Individuenzahl RL-Arten----
plot(dauer,anz.ind.rl.tot., xlab = "Dauer [min]", ylab = "Anzahl Individuen RL-Arten",
      col=c("darkslategray2","deepskyblue3","darkgoldenrod1","darkorange2"),pch=19)
trend1=lm(data_weide_Q1$anz.ind.rl.tot.~data_weide_Q1$dauer)
abline(trend1, col="darkslategray2")
trend2=lm(data_weide_Q2$anz.ind.rl.tot.~data_weide_Q2$dauer)
abline(trend2, col="deepskyblue3")
trend3=lm(data_wiese_Q1$anz.ind.rl.tot.~data_wiese_Q1$dauer)
abline(trend3, col="darkgoldenrod1")
trend4=lm(data_wiese_Q2$anz.ind.rl.tot.~data_wiese_Q2$dauer)
abline(trend4, col="darkorange2")

plot(cov.veg.tot.,anz.ind.rl.tot., xlab = "Vegetationsbedeckung", ylab = "Anzahl Individuen RL-Arten",
      col=c("darkslategray2","deepskyblue3","darkgoldenrod1","darkorange2"),pch=19)
trend1=lm(data_weide_Q1$anz.ind.rl.tot.~data_weide_Q1$cov.veg.tot.)
abline(trend1, col="darkslategray2")
trend2=lm(data_weide_Q2$anz.ind.rl.tot.~data_weide_Q2$cov.veg.tot.)
abline(trend2, col="deepskyblue3")
trend3=lm(data_wiese_Q1$anz.ind.rl.tot.~data_wiese_Q1$cov.veg.tot.)
abline(trend3, col="darkgoldenrod1")
trend4=lm(data_wiese_Q2$anz.ind.rl.tot.~data_wiese_Q2$cov.veg.tot.)
abline(trend4, col="darkorange2")

plot(cov.streu,anz.ind.rl.tot., xlab = "Anteil Altgras", ylab = "Anzahl Individuen RL-Arten",
      col=c("darkslategray2","deepskyblue3","darkgoldenrod1","darkorange2"),pch=19)
trend1=lm(data_weide_Q1$anz.ind.rl.tot.~data_weide_Q1$cov.streu)
abline(trend1, col="darkslategray2")
trend2=lm(data_weide_Q2$anz.ind.rl.tot.~data_weide_Q2$cov.streu)
abline(trend2, col="deepskyblue3")
trend3=lm(data_wiese_Q1$anz.ind.rl.tot.~data_wiese_Q1$cov.streu)
abline(trend3, col="darkgoldenrod1")
trend4=lm(data_wiese_Q2$anz.ind.rl.tot.~data_wiese_Q2$cov.streu)
abline(trend4, col="darkorange2")

plot(veg.h.min,anz.ind.rl.tot., xlab = "Minimale Vegetationshöhe [cm]", ylab = "Anzahl Individuen RL-Arten",
      col=c("darkslategray2","deepskyblue3","darkgoldenrod1","darkorange2"),pch=19)
trend1=lm(data_weide_Q1$anz.ind.rl.tot.~data_weide_Q1$veg.h.min)
abline(trend1, col="darkslategray2")
trend2=lm(data_weide_Q2$anz.ind.rl.tot.~data_weide_Q2$veg.h.min)
abline(trend2, col="deepskyblue3")
trend3=lm(data_wiese_Q1$anz.ind.rl.tot.~data_wiese_Q1$veg.h.min)
abline(trend3, col="darkgoldenrod1")
trend4=lm(data_wiese_Q2$anz.ind.rl.tot.~data_wiese_Q2$veg.h.min)
abline(trend4, col="darkorange2")

plot(veg.h.max,anz.ind.rl.tot., xlab = "Maximale Vegetationshöhe [cm]", ylab = "Anzahl Individuen RL-Arten",
      col=c("darkslategray2","deepskyblue3","darkgoldenrod1","darkorange2"),pch=19)
trend1=lm(data_weide_Q1$anz.ind.rl.tot.~data_weide_Q1$veg.h.max)
abline(trend1, col="darkslategray2")
trend2=lm(data_weide_Q2$anz.ind.rl.tot.~data_weide_Q2$veg.h.max)

```

```
abline(trend2, col="deepskyblue3")
trend3=lm(data_wiese_Q1$anz.ind.rl.tot.~data_wiese_Q1$veg.h.max)
abline(trend3, col="darkgoldenrod1")
trend4=lm(data_wiese_Q2$anz.ind.rl.tot.~data_wiese_Q2$veg.h.max)
abline(trend4, col="darkorange2")
```

Anhang 10: Aufgabenstellung

Zürcher Hochschule
für Angewandte Wissenschaften



**Life Sciences und
Facility Management**

Institut für Umwelt und
Natürliche Ressourcen

Bachelor-Arbeit		
Studienjahrgang		2017
Titel		Wie unterscheiden sich Extensivwiesen und Extensivweiden mit QI- und QII-Status in ihrer Heuschreckenfauna?
Vertraulich		ja <input type="checkbox"/> X nein <input checked="" type="checkbox"/>
Fachgebiet		Umweltplanung
Namen	StudentIn	André Röthlisberger
	1. Korrektor	Jürg Schlegel
	2. Korrektor	Matthias Riesen
Aufgabenstellung <ul style="list-style-type: none"> • Ausgangslage • Zielsetzungen • Zusätzliche Auftrags-modalitäten 		<p>Ausgangslage Im Rahmen der aktuellen Agrarpolitik ist der Anteil an Extensivwiesen- und -weiden mit hoher Qualität (QII) in den letzten Jahren angestiegen. Dabei ist jedoch nicht klar, ob sich Extensivwiesen und -weiden in der Artenzusammensetzung und -verteilung von Heuschrecken unterscheiden und die regionale Beta-Diversität begünstigen. Zudem erfolgt die Qualitätseinteilung für QI oder QII ausschliesslich aufgrund der floristischen Diversität. Ob die Qualitätseinteilung auch für die Heuschreckenfauna gilt ist unklar. Im Kanton Aargau sind alle BFF digitalisiert. Somit können die Untersuchungsflächen gut nach wissenschaftlichen Kriterien auslesen werden. Es werden keine Vegetationsaufnahmen durchgeführt, jedoch werden Angaben auf struktureller Ebene aufgenommen. Untersuchungsdesign (grob): 8 Quartette mit je einer QI- und QII-Wiese und je einer QI- und QII-Weide.</p> <p>Zielsetzungen Auswirkungen der Bewirtschaftungsform von Extensivgrünland auf die Bioindikator-Insektengruppen Heuschrecken. Sind QII-Flächen für die Artengruppe der Heuschrecken artenreicher als QI-Flächen? Trägt ein Mix aus beweideten und gemähten Flächen zur lokalen Artenvielfalt bei? Welche Umgebungseigenschaften (Landnutzung um die Untersuchungsflächen) korrelieren mit der Heuschreckenfauna?</p> <p>Zusätzliche Auftrags-Modalitäten Flächenauswahl für evtl. Langzeitmonitoring oder für erneute Durchführung mit einer anderen Artengruppe (Tagfalter, Schwebfliegen)</p>
Formale Anforderungen		Alle relevanten Merkblätter zu studentischen Arbeiten

Zeitplan	<p>Abgabe Aufgabenteilung 23 Jan</p> <p>Abgabe Aufgabenstellung 28 Nov</p> <p>Abgabe zur Vorkorrektur 30 Nov</p> <p>Mündlich 26 Jan</p> <p>Themenwahl 10 days</p> <p>Erarbeitung Methode (grob) 41 days</p> <p>Literaturrecherche (Theorie) 71 days</p> <p>Erarbeitung Methode (definitiv) 71 days</p> <p>Vorarbeit Feldarbeit (Materialausleihe) 5 days</p> <p>Feldarbeit 45 days</p> <p>Digitalisierung Felddaten 14 days</p> <p>Statistische Auswertung 25 days</p> <p>Verfassen BA (Methode) 10 days</p> <p>Verfassen BA (Einleitung) 15 days</p> <p>Verfassen BA (Resultate) 15 days</p> <p>Verfassen BA (Diskussion) 16 days</p> <p>Abschluss vorkorrigierte BA (inkl. Abstract) 15 days</p> <p>Vorbereitung mündliche Prüfung 16 days</p> <p>roethan1</p>
Abgabetermin (12.00 Uhr)	14.01.2020
Bemerkungen	
Arbeitsort	Feldarbeiten im Kanton Aargau, Schriftliche Arbeiten in Wädenswil

Seite 3 von 3

Plagiate verstossen gegen die Urheberrechte, eine Verletzung dieser Rechte wird gemäss der Studien- und Prüfungsordnung für die Bachelorstudiengänge der Hochschule Wädenswil vom 01.09.2006 in § 38, 39 geregelt. Diese Studien- und Prüfungsordnung gilt für alle Bachelorstudienjahrgänge bis und mit Studienstart 2009.

Für Bachelorstudienjahrgänge mit Studienbeginn ab 2010 und die Masterstudiengänge mit Studienbeginn ab 2009 gilt § 39 der Rahmenprüfungsordnung für Bachelor- und Masterstudiengänge an der Zürcher Hochschule für Angewandte Wissenschaften vom 29.01.2008.

Anhang 11: Poster



Die Heuschreckenfauna von extensiv genutzten Wiesen und extensiv genutzten Weiden

Bachelorarbeit UI17

14.01.2021

André Röthlisberger

Einleitung

Extensiv genutzte Wiesen und Weiden zählen zu den artenreichsten Lebensräumen in der Schweiz [1]. Doch Lebensraumverlust und Verschlechterung der Lebensraumqualität führten zu einem drastischen Rückgang dieser Lebensräume [2]. Mit der Einführung des Direktzahlungssystems im Jahr 1993 soll dem Verlust auf landwirtschaftlicher Ebene gegengesteuert werden. So müssen landwirtschaftliche Betriebe, die Direktzahlungen erhalten wollen, sieben Prozent der Landwirtschaftlichen Nutzfläche als Biodiversitätsförderflächen (BFF) bewirtschaften. Dabei wird zwischen verschiedenen Typen von BFF unterschieden, die in zwei Qualitätsstufen eingeteilt werden. Diese Einteilung erfolgt ausschliesslich aufgrund von Bewirtschaftungsauflagen und der floristischen Artenvielfalt. Ob diese Einteilung auch für die Fauna einen Nutzen bringt, wurde kaum untersucht. Deshalb behandelt die vorliegende Arbeit den Einfluss der BFF extensiv genutzte Wiesen und extensiv genutzte Weiden und deren Qualitätsstufen auf die Heuschreckenfauna. Zudem wurde ermittelt, welche Habitatparameter wichtige Einflüsse auf die Heuschreckenvielfalt zeigen.

Material und Methode

Flächenauswahl: Zur Beantwortung der Fragestellung wurden im Kanton Aargau 32 BFF auf deren Heuschreckenvielfalt untersucht, die mittels Multikriterienanalyse ausgewählt wurden. Dabei wurden acht Untersuchungsgebiete mit zwei extensiv genutzten Wiesen (Q1 und Q2) und zwei extensiv genutzten Weiden (Q1 und Q2) ausgewählt (Abbildung).

Heuschreckenkartierung: Mit zwei Begehungen pro Untersuchungsfläche wurde die Heuschreckenvielfalt erhoben. Neben der Heuschreckenkartierung wurden Habitatparameter (Vegetationshöhe, Altgrasanteil usw.) aufgenommen.

Statistische Auswertung: Die Datenanalyse wurde mit der Statistikumgebung R durchgeführt [3]. Dabei wurden Boxplotvergleiche, Indikatoranalyse, Redundanzanalyse und verallgemeinerte univariate lineare Mischmodelle (glmer) angewandt.

Resultate

Die Resultate zeigten, dass sich die Heuschreckengemeinschaften der vier untersuchten BFF-Typen kaum unterscheiden. Wie in Abbildung 2 dargestellt wurde, zeigten sich zwischen den BFF extensiv genutzten Wiesen und extensiv genutzten Weiden keine signifikanten Unterschiede in der Heuschreckenvielfalt, jedoch zeigten BFF mit Qualitätsstufe 2 eine signifikant höhere Heuschreckenvielfalt als BFF mit Qualitätsstufe 1. Aus der Indikatoranalyse ging hervor, dass die schützenswerten Arten Präferenzen für BFF mit Q2 und BFF mit einem Altgrasanteil über fünf Prozent zeigten. Mit den verallgemeinerten univariaten linearen Mischmodelle wurde zudem die Wichtigkeit eines genügenden Altgrasanteils und einer befriedigenden Vegetationsbedeckung aufgezeigt, was in Abbildung 3 dargestellt wurde.

Diskussion

Die Resultate der vorliegenden Untersuchung sind bedeutsam, um die floristische Einteilung der Qualitätsstufen zu rechtfertigen. Dennoch besteht durch die teilweise unbefriedigende ökologische Qualität von BFF Handlungsbedarf [4,5]. Mit den vorliegenden Resultaten kann die Forderung gestellt werden, dass ein obligatorischer Altgrasstreifen in den wiesenähnlichen BFF einzuführen ist, da dieser nachweislich die Heuschreckenvielfalt erhöht, als auch explizit die UZL- und RL-Arten fördert. Neben den Bewirtschaftungsauflagen sollten zudem der Anteil BFF und der Anteil BFF mit Q2 erhöht werden, um die Artenvielfalt längerfristig zu sichern.

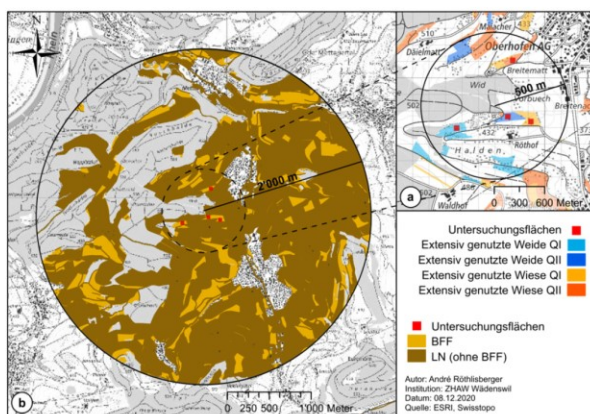


Abbildung 1: Übersicht über ein Untersuchungsgebiet und deren Untersuchungsflächen. a) Überblick über ein Untersuchungsgebiet mit den umgebenden Landnutzungstypen. b) Detailausschnitt

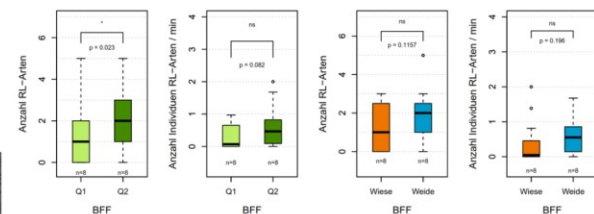


Abbildung 2: Vergleiche zwischen den Biodiversitätsförderflächen (BFF) extensiv genutzte Wiesen und BFF extensiv genutzten Weiden mit Qualitätsstufe 1 (Q1) und Qualitätsstufe 2 (Q2) und Vergleiche zwischen den Biodiversitätsförderflächen (BFF) extensiv genutzte Wiese (Q1 und Q2) und extensiv genutzte Weide (Q1 und Q2).

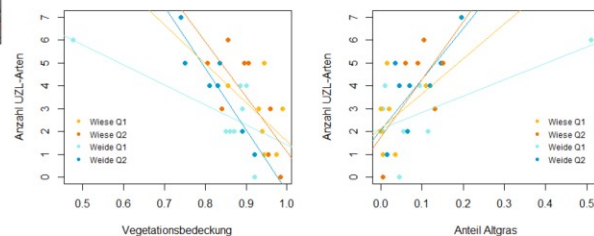


Abbildung 3: Lineare Regressionen zwischen den Umweltziele Landwirtschaft Arten (UZL-Arten) und den Habitatparametern Vegetationsbedeckung (links) und Altgrasanteil (rechts)

Quellen:

- [1]: Günter, J., Lachat, T., Pauli, D., & Fischer, M. (2013). Flächenbedarf für die Erhaltung der Biodiversität und der Ökosystemleistungen in der Schweiz (S. 234). Forum Biodiversität Schweiz der Akademie der Naturwissenschaften SGNAT.
- [2]: Lachat, T. (Hrsg.). (2010). Der Wandel der Biodiversität in der Schweiz seit 1900: Ist die Talschle erreicht? (1., Aufl.). Haupt.
- [3]: R Core Team. (2017). R: A language and environment for statistical computing.
- [4]: Graf, R., Hagist, D., Zellweger-Fischer, J., & Chevillat, V. (2020). Quantität und Qualität naturnaher Lebensräume im Agrargebiet. Agrarforschung Schweiz, 11.
- [5]: Meichtry-Stier, K. S., Jenny, M., Zellweger-Fischer, J., & Birrer, S. (2014). Impact of landscape improvement by agri-environment scheme options on densities of characteristic farmland bird species and brown hare (*Lepus europaeus*). Agriculture, Ecosystems & Environment, 189, 101-109. <https://doi.org/10.1016/j.agee.2014.02.038>